

## Human nucleic acid sequences and protein products from normal breast tissue, useful for breast cancer therapy

Patent Number: ☐ DE19813835

Publication date: 1999-09-23

Inventor(s): SCHMITT ARMIN (DE); SPECHT THOMAS (DE); DAHL EDGAR (DE); HINZMANN BERND (DE); ROSENTHAL ANDRE (DE); PILARSKY CHRISTIAN (DE)

Applicant(s): METAGEN GES FUER GENOMFORSCHUN (DE)

Requested Patent: ☐ WO9947655

Application Number: DE19981013835 19980320

Priority Number (s): DE19981013835 19980320

IPC Classification: C07K14/435; C12N15/11; C07H21/04; C12N15/63; C12N1/21; C12N1/19; C12N5/10; C07K16/18; A61K38/17; G01N33/68

EC Classification:

Equivalents: ☐ EP1070125 (WO9947655), A3, JP2002506639T

### Abstract

Human nucleic acid sequences from normal breast tissue are new. A nucleic acid sequence that encodes (part of) a gene product comprises: (a) a nucleic acid sequence (I), chosen from a group of 43 sequences (given in the specification); (b) an allelic variant (II) of (I); or (c) a nucleic acid sequence (III), that is complementary to (I) or (II). Independent claims are also included for: (1) a nucleic acid sequence (76 sequences given in the specification), characterized in that it has increased expression in normal breast tissue; (2) BAC, PAC and cosmid clones, containing functional genes and their chromosomal localization, corresponding to one of 76 sequences for use as vehicles for gene transfer; (3) a nucleic acid sequence comprising part of a sequence as above which is sufficiently large to hybridize to a sequence as above; (4) an expression cassette comprising a nucleic acid fragment or a sequence as above, together with at least a control or regulatory sequence; (5) a DNA fragment, comprising a gene, that is produced as a result of using a nucleic acid sequence as above; (6) a host cell containing genetic information for expression of a heterologous nucleic acid sequence as above; (7) a process to manufacture a polypeptide or fragments, characterized in that the host cell above is cultivated; (8) an antibody against a polypeptide, which is encoded by a nucleic acid as above; (9) a polypeptide partial sequence having one of 122 sequences (given in the specification); (10) a genomic gene, its promoter, enhancer, silencer, exon and intron structure and splice variants, generated from cDNA having one of the 76 sequences; and (11) 1318, 3283 and 538 bp nucleic acid sequences characterized in that they are associated with fat metabolism and can be used to treat illnesses associated with an altered fat metabolism.

PCT

WELTORGANISATION FÜR GEISTIGES EIGENTUM  
Internationales Büro



AG

INTERNATIONALE ANMELDUNG VERÖFFENTLICHT NACH DEM VERTRAG ÜBER DIE  
INTERNATIONALE ZUSAMMENARBEIT AUF DEM GEBIET DES PATENTWESENS (PCT)

<b>(51) Internationale Patentklassifikation</b> <sup>6</sup> :  C12N 15/00	<b>A2</b>	<b>(11) Internationale Veröffentlichungsnummer:</b> WO 99/47655  <b>(43) Internationales Veröffentlichungsdatum:</b> 23. September 1999 (23.09.99)
<b>(21) Internationales Aktenzeichen:</b> PCT/DE99/00909  <b>(22) Internationales Anmeldedatum:</b> 19. März 1999 (19.03.99)  <b>(30) Prioritätsdaten:</b> 198 13 835.0      20. März 1998 (20.03.98)      DE  <b>(71) Anmelder (für alle Bestimmungsstaaten ausser US):</b> META- GEN GESELLSCHAFT FÜR GENOMFORSCHUNG MBH [DE/DE]; Ihnestrasse 63, D-14195 Berlin (DE).  <b>(72) Erfinder; und</b> <b>(75) Erfinder/Anmelder (nur für US):</b> SPECHT, Thomas [DE/DE]; Grabenstrasse 14, D-12209 Berlin (DE). HINZMANN, Bernd [DE/DE]; Parkstrasse 19, D-13127 Berlin (DE). SCHMITT, Armin [DE/DE]; Laubacher Strasse 6/II, D-14197 Berlin (DE). PILARSKY, Christian [DE/DE]; Heinrich-Lange-Strasse 13c, D-01474 Schönfeld (DE). DAHL, Edgar [DE/DE]; Eleonore-Procheska-Strasse 6, D-14480 Potsdam (DE). ROSENTHAL, André [DE/DE]; Koppenplatz 10, D-10115 Berlin (DE).		<b>(81) Bestimmungsstaaten:</b> JP, US, europäisches Patent (AT, BE, CH, CY, DE, DK, ES, FI, FR, GB, GR, IE, IT, LU, MC, NL, PT, SE).  <b>Veröffentlicht</b> <i>Ohne internationalen Recherchenbericht und erneut zu veröffentlichen nach Erhalt des Berichts.</i>
<b>(54) Title:</b> HUMAN NUCLEIC ACID SEQUENCES FROM NORMAL BREAST TISSUE  <b>(54) Bezeichnung:</b> MENSCHLICHE NUKLEINSÄURESEQUENZEN AUS BRUSTNORMALGEWEBE  <b>(57) Abstract</b>  The invention relates to human nucleic acid sequences, mRNA, cDNA, genomic sequences from breast tissue, coding for genetic products or parts thereof and to the use thereof. The invention also relates to polypeptides which can be obtained from said sequences and to the use thereof.  <b>(57) Zusammenfassung</b>  Es werden menschliche Nukleinsäuresequenzen – mRNA, cDNA, genomische Sequenzen – aus Brustgewebe, die für Genprodukte oder Teile davon kodieren, und deren Verwendung beschrieben. Es werden weiterhin die über die Sequenzen erhältlichen Polypeptide und deren Verwendung beschrieben.		

# **LEDIGLICH ZUR INFORMATION**

Codes zur Identifizierung von PCT-Vertragsstaaten auf den Kopfbögen der Schriften, die internationale Anmeldungen gemäss dem PCT veröffentlichen.

AL	Albanien	ES	Spanien	LS	Lesotho	SI	Slowenien
AM	Armenien	FI	Finnland	LT	Litauen	SK	Slowakei
AT	Österreich	FR	Frankreich	LU	Luxemburg	SN	Senegal
AU	Australien	GA	Gabun	LV	Lettland	SZ	Swasiland
AZ	Aserbaidschan	GB	Vereinigtes Königreich	MC	Monaco	TD	Tschad
BA	Bosnien-Herzegowina	GE	Georgien	MD	Republik Moldau	TG	Togo
BB	Barbados	GH	Ghana	MG	Madagaskar	TJ	Tadschikistan
BE	Belgien	GN	Guinea	MK	Die ehemalige jugoslawische Republik Mazedonien	TM	Turkmenistan
BF	Burkina Faso	GR	Griechenland	ML	Mali	TR	Türkei
BG	Bulgarien	HU	Ungarn	MN	Mongolei	TT	Trinidad und Tobago
BJ	Benin	IE	Irland	MR	Mauretanien	UA	Ukraine
BR	Brasilien	IL	Israel	MW	Malawi	UG	Uganda
BY	Belarus	IS	Island	MX	Mexiko	US	Vereinigte Staaten von Amerika
CA	Kanada	IT	Italien	NE	Niger	UZ	Usbekistan
CF	Zentralafrikanische Republik	JP	Japan	NL	Niederlande	VN	Vietnam
CG	Kongo	KE	Kenia	NO	Norwegen	YU	Jugoslawien
CH	Schweiz	KG	Kirgisistan	NZ	Neuseeland	ZW	Zimbabwe
CI	Côte d'Ivoire	KP	Demokratische Volksrepublik Korea	PL	Polen		
CM	Kamerun	KR	Republik Korea	PT	Portugal		
CN	China	KZ	Kasachstan	RO	Rumänien		
CU	Kuba	LC	St. Lucia	RU	Russische Föderation		
CZ	Tschechische Republik	LI	Liechtenstein	SD	Sudan		
DE	Deutschland	LK	Sri Lanka	SE	Schweden		
DK	Dänemark	LR	Liberia	SG	Singapur		
EE	Estland						

## Menschliche Nukleinsäuresequenzen aus Brustnormalgewebe

- Die Erfindung betrifft menschliche Nukleinsäuresequenzen aus Brustgewebe, die für Genprodukte oder Teile davon kodieren, deren funktionale Gene, die mindestens ein biologisch aktives Polypeptid kodieren und deren Verwendung.  
Die Erfindung betrifft weiterhin die über die Sequenzen erhältlichen Polypeptide und deren Verwendung.
- 10 Eine der Haupttodesursachen bei Frauen ist der Brustkrebs, für dessen Bekämpfung neue Therapien notwendig sind. Bisher verwendete Therapien, wie z.B. Chemotherapie, Hormontherapie oder chirurgische Entfernung des Tumorgewebes, führen häufig nicht zu einer vollständigen Heilung.
- 15 Das Phänomen Krebs geht häufig einher mit der Über- oder Unterexpression gewisser Gene in den entarteten Zellen, wobei noch unklar ist, ob diese veränderten Expressionsraten Ursache oder Folge der malignen Transformation sind. Die Identifikation solcher Gene wäre ein wesentlicher Schritt für die Entwicklung neuer Therapien gegen Krebs. Der spontanen Entstehung von Krebs geht häufig eine
- 20 Vielzahl von Mutationen voraus. Diese können verschiedenste Auswirkungen auf das Expressionsmuster in dem betroffenen Gewebe haben, wie z.B. Unter- oder Überexpression, aber auch Expression verkürzter Gene. Mehrere solcher Veränderungen durch solche Mutationskaskaden können schließlich zu bösartigen Entartungen führen. Die Komplexität solcher Zusammenhänge erschwert die
- 25 experimentelle Herangehensweise sehr.
- Für die Suche nach Kandidatengenen, d.h. Genen, die im Vergleich zum Tumorgewebe im normalen Gewebe stärker exprimiert werden, wird eine Datenbank verwendet, die aus sogenannten ESTs besteht. ESTs (Expressed Sequence Tags)
- 30 sind Sequenzen von cDNAs, d.h. revers transkribierten mRNAs, den Molekülen also, die die Expression von Genen widerspiegeln. Die EST-Sequenzen werden für normale und entartete Gewebe ermittelt. Solche Datenbanken werden von verschiedenen Betreibern z.T. kommerziell angeboten. Die ESTs der LifeSeq-Datenbank, die hier verwendet wird, sind in der Regel zwischen 150 und 350
- 35 Nukleotide lang. Sie repräsentieren ein für ein bestimmtes Gen unverkennbares Muster, obwohl dieses Gen normalerweise sehr viel länger ist ( $> 2000$  Nukleotide). Durch Vergleich der Expressionsmuster von normalen und Tumorgewebe können ESTs identifiziert werden, die für die Tumorentstehung und -proliferation wichtig sind. Es besteht jedoch folgendes Problem: Da durch unterschiedliche Konstruktionen der
- 40 cDNA-Bibliotheken die gefundenen EST-Sequenzen zu unterschiedlichen Regionen eines unbekannten Gens gehören können, ergäbe sich in einem solchen Fall ein völlig falsches Verhältnis des Vorkommens dieser ESTs in dem jeweiligen Gewebe. Dieses würde erst bemerkt werden, wenn das vollständige Gen bekannt ist und somit die ESTs dem gleichen Gen zugeordnet werden können.
- 45 Es wurde nun gefunden, daß diese Fehlermöglichkeit verringert werden kann, wenn zuvor sämtliche ESTs aus dem jeweiligen Gewebstyp assembliert werden, bevor die Expressionsmuster miteinander verglichen werden. Es wurden also überlappende ESTs ein und desselben Gens zu längeren Sequenzen zusammengefaßt (s. Fig. 1, Fig. 2a und Fig.3). Durch diese Verlängerung und damit Abdeckung eines wesentlich
- 50 größeren Genbereichs in jeder der jeweiligen Banken sollte der oben beschriebene Fehler weitgehendst vermieden werden. Da es hierzu keine bestehenden



Softwareprodukte gab, wurden Programme für das Assemblieren von genomischen Abschnitten verwendet, die abgewandelt eingesetzt und durch eigene Programme ergänzt wurden. Ein Flowchart der Assemblierungsprozedur ist in Fig. 2b1 – 2b4 dargestellt.

5

Es konnten nun die Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No 1 bis Seq. ID No.76 und Seq. ID No.161 bis Seq. ID 178 gefunden werden, die als Kandidatengene beim Brusttumor eine Rolle spielen.

10 Von besonderem Interesse sind die Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID Nos.1-5, 10-12, 14, 15, 19, 21-25, 28, 30, 31, 34, 37, 43, 45, 48, 50, 51, 58-65, 68, 69, 71, 72, 74, 76 und 161-178.

15 Die Erfindung betrifft somit Nukleinsäure-Sequenzen, die ein Genprodukt oder ein Teil davon kodieren, umfassend

20 a) eine Nukleinsäure-Sequenz, ausgewählt aus der Gruppe der Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID Nos.1-5, 10-12, 14, 15, 19, 21-25, 28, 30, 31, 34, 37, 43, 45, 48, 50, 51, 58-65, 68, 69, 71, 72, 74, 76 und 161-178.

25 b) eine allelische Variation der unter a) genannten Nukleinsäure-Sequenzen

oder

30 c) eine Nukleinsäure-Sequenz, die komplementär zu den unter a) oder b) genannten Nukleinsäure-Sequenzen ist.

35 Die Erfindung betrifft weiterhin eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß einer der Sequenzen Seq. ID Nos.1-5, 10-12, 14, 15, 19, 21-25, 28, 30, 31, 34, 37, 43, 45, 48, 50, 51, 58-65, 68, 69, 71, 72, 74, 76 und 161-178 oder eine komplementäre oder allelische Variante davon und die Nukleinsäure-Sequenzen davon, die eine 90%ige bis 95% ige Homologie zu einer humanen Nukleinsäure-Sequenz aufweisen.

40 Die Erfindung betrifft auch die Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 76 und Seq. ID No.161 bis Seq. ID 178, die im Brustnormalgewebe erhöht exprimiert sind bzw. in Brusttumorgewebe vermindert exprimiert sind.

45 Die Erfindung betrifft ferner Nukleinsäure-Sequenzen, umfassend einen Teil der oben genannten Nukleinsäure-Sequenzen, in solch einer ausreichenden Größe, daß sie mit den Sequenzen Seq. ID Nos.1-5, 10-12, 14, 15, 19, 21-25, 28, 30, 31, 34, 37, 43, 45, 48, 50, 51, 58-65, 68, 69, 71, 72, 74, 76 und 161-178 hybridisieren.

50 Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen weisen im allgemeinen eine Länge von mindestens 50 bis 4500 bp, vorzugsweise eine Länge von mindestens 150 bis 4000 bp, insbesondere eine Länge von 450 bis 3500 bp auf.

- Mit den erfindungsgemäßen Teilsequenzen Seq. ID Nos. 1-5, 10-12, 14, 15, 19, 21-25, 28, 30, 31, 34, 37, 43, 45, 48, 50, 51, 58-65, 68, 69, 71, 72, 74, 76 und 161-178 können gemäß gängiger Verfahrenspraxis auch Expressionskassetten konstruiert werden, wobei auf der Kassette mindestens eine der erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen zusammen mit mindestens einer dem Fachmann allgemein bekannten Kontroll- oder regulatorischen Sequenz, wie z. B. einem geeigneten Promotor, kombiniert wird. Die erfindungsgemäßen Sequenzen können in sense oder antisense Orientierung eingefügt sein.
- In der Literatur sind ist eine große Anzahl von Expressionskassetten bzw. Vektoren und Promotoren bekannt, die verwendet werden können.
- Unter Expressionskassetten bzw. Vektoren sind zu verstehen: 1. bakterielle, wie z. B., phagescript, pBs,  $\phi$ X174, pBluescript SK, pBs KS, pNH8a, pNH16a, pNH18a, pNH46a (Stratagene), pTrc99A, pKK223-3, pKK233-3, pDR540, pRIT5 (Pharmacia), 2. eukaryontische, wie z. B. pWLneo, pSV2cat, pOG44, pXT1, pSG (Stratagene), pSVK3, pBPV, pMSG, pSVL (Pharmacia).
- Unter Kontroll- oder regulatorischer Sequenz sind geeignete Promotoren zu verstehen. Hierbei sind zwei bevorzugte Vektoren der pKK232-8 und der PCM7 Vektor. Im einzelnen sind folgende Promotoren gemeint: lacI, lacZ, T3, T7, gpt, lambda P<sub>R</sub>, trc, CMV, HSV Thymidin-Kinase, SV40, LTRs aus Retrovirus und Maus Metallothionein-I.
- Die auf der Expressionskassette befindlichen DNA-Sequenzen können ein Fusionsprotein kodieren, das ein bekanntes Protein und ein biologisch aktives Polypeptid-Fragment umfaßt.
- Die Expressionskassetten sind ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung.
- Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Fragmente können zur Herstellung von Vollängen-Genen verwendet werden. Die erhältlichen Gene sind ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung.
- Die Erfindung betrifft auch die Verwendung der erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen, sowie die aus der Verwendung erhältlichen Gen-Fragmente.
- Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen können mit geeigneten Vektoren in Wirtszellen gebracht werden, in denen als heterologer Teil die auf den Nukleinsäure-Fragmenten enthaltene genetischen Information befindet, die exprimiert wird.
- Die die Nukleinsäure-Fragmente enthaltenden Wirtszellen sind ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung.
- Geeignete Wirtszellen sind z. B. prokaryontische Zellsysteme wie E. coli oder eukaryontische Zellsysteme wie tierische oder humane Zellen oder Hefen.
- Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen können in sense oder antisense Form verwendet werden.

Die Herstellung der Polypeptide oder deren Fragment erfolgt durch Kultivierung der Wirtszellen gemäß gängiger Kultivierungsmethoden und anschließender Isolierung und Aufreinigung der Peptide bzw. Fragmente, ebenfalls mittels gängiger Verfahren.

5 Die Erfindung betrifft ferner Nukleinsäure-Sequenzen, die mindestens eine Teilsequenz eines biologisch aktiven Polypeptids kodieren.

Ferner betrifft die vorliegende Erfindung Polypeptid-Teilsequenzen, sogenannte ORF (open-reading-frame)-Peptide, gemäß den Sequenzprotokollen Seq. ID Nos 77-85, 87, 88, 90, 91, 93, 95-108, 112-117, 119, 122, 124-126, 132, 133, 135, 137-160 und 179-209.

10

Die Erfindung betrifft ferner die Polypeptid-Sequenzen, die mindestens eine 80%ige Homologie, insbesondere eine 90%ige Homologie zu den erfindungsgemäßen Polypeptid-Teilsequenzen der Seq. ID Nos 77-85, 87, 88, 90, 91, 93, 95-108, 112-117, 119, 122, 124-126, 132, 133, 135, 137-160 und 179-209.

15

Die Erfindung betrifft auch Antikörper, die gegen ein Polypeptid oder Fragment davon gerichtet sind, welche von den erfindungsgemäßen Nukleinsäuren der Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID 76 und Seq. ID No. 161 bis Seq. ID 178 kodiert werden.

20

Unter Antikörper sind insbesondere monoklonale Antikörper zu verstehen.

Die erfindungsgemäßen Polypeptide der Sequenzen Seq. ID Nos 77-85, 87, 88, 90, 91, 93, 95-108, 112-117, 119, 122, 124-126, 132, 133, 135, 137-160 und 179-209 können auch als Tool zum Auffinden von Wirkstoffen gegen Brustkrebs verwendet werden, was ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung ist.

25

Ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung ist die Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen gemäß den Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 76 und Seq. ID No. 161 bis Seq. ID No. 178 zur Expression von Polypeptiden, die als Tools zum Auffinden von Wirkstoffen gegen Brustkrebs verwendet werden können.

30

Die Erfindung betrifft auch die Verwendung der gefundenen Polypeptid-Teilsequenzen Seq. ID No. 77 bis Seq. ID No. 160 und Seq. ID No. 179 bis Seq. ID No. 209 als Arzneimittel in der Gentherapie zur Behandlung des Brustkrebses, bzw. zur Herstellung eines Arzneimittels zur Behandlung des Brustkrebses.

35

Die Erfindung betrifft auch Arzneimittel, die mindestens eine Polypeptid-Teilsequenz Seq. ID No. 77 bis Seq. ID No. 160 und Seq. ID No. 179 bis Seq. ID No. 209 enthalten.

40

Die gefundenen erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen können auch genomische oder mRNA-Sequenzen sein.

45

Die Erfindung betrifft auch genomische Gene, ihre Exon- und Intronstruktur und deren Spleißvarianten, erhältlich aus den cDNAs der Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 76 und Seq. ID No. 161 bis Seq. ID No. 178, sowie deren Verwendung zusammen mit geeigneten regulativen Elementen, wie geeigneten Promotoren und/oder Enhancern.

50

- Mit den erfindungsgemäßen Nukleinsäuren (cDNA-Sequenzen) werden genomische BAC-, PAC- und Cosmid-Bibliotheken gescreent und über komplementäre Basenpaarung (Hybridisierung) spezifisch humane Klone isoliert. Die so isolierten
- 5 BAC-, PAC- und Cosmid-Klone werden mit Hilfe der Fluoreszenz-in-situ-Hybridisation auf Metaphasenchromosomen hybridisiert und entsprechende Chromosomenabschnitte identifiziert, auf denen die entsprechenden genomischen Gene liegen. BAC-, PAC- und Cosmid-Klone werden sequenziert, um die
- 10 entsprechenden genomischen Gene in ihrer vollständigen Struktur (Promotoren, Enhancer, Silencer, Exons und Introns) aufzuklären. BAC-, PAC- und Cosmid-Klone können als eigenständige Moleküle für den Gentransfer eingesetzt werden (s. Fig. 5).
- Die Erfindung betrifft auch BAC-, PAC- und Cosmid-Klone, enthaltend funktionelle Gene und ihre chromosomale Lokalisation, entsprechend den Sequenzen Seq. ID. No. 1 bis Seq. ID No. 76 und Seq. ID No. 161 bis Seq. ID No. 179, zur Verwendung als
- 15 Vehikel zum Gentransfer.

**Bedeutungen von Fachbegriffen und Abkürzungen**

5	Nukleinsäuren=	Unter Nukleinsäuren sind in der vorliegenden Erfindung zu verstehen: mRNA, partielle cDNA, vollständige cDNA und genomische Gene (Chromosomen).
	ORF =	Open Reading Frame, eine definierte Abfolge von Aminosäuren, die von der cDNA-Sequenz abgeleitet werden kann.
	Contig=	Eine Menge von DNA-Sequenzen, die aufgrund sehr großer Ähnlichkeiten zu einer Sequenz zusammengefaßt werden können (Consensus).
10	Singleton=	Ein Contig, der nur eine Sequenz enthält.
	Modul =	Domäne eines Proteins mit einer definierten Sequenz, die eine strukturelle Einheit darstellt und in unterschiedlichen Proteinen vorkommt
15		
	N =	wahlweise das Nukleotid A, T, G oder C
	X =	wahlweise eine der 20 natürlich vorkommenden Aminosäuren
20		

**Erklärung zu den Alignmentparametern**

25	minimal initial match=	minimaler anfänglicher Identitätsbereich
	maximum pads per read=	maximale Anzahl von Insertionen
	maximum percent mismatch=	maximale Abweichung in %

30

**Erklärung der Abbildungen**

	Fig. 1	zeigt die systematische Gen-Suche in der Incyte LifeSeq Datenbank.
35	Fig. 2a	zeigt das Prinzip der EST-Assemblierung
	Fig. 2b1-2b4	zeigt das gesamte Prinzip der EST-Assemblierung
40	Fig. 3	zeigt die in silico Subtraktion der Genexpression in verschiedenen Geweben
	Fig. 4a	zeigt die Bestimmung der gewebsspezifischen Expression über elektronischen Northern.
45	Fig. 4b	zeigt den elektronischen Northern
	Fig. 5	zeigt die Isolierung von genomischen BAC- und PAC-Klonen.

Die nachfolgenden Beispiele erläutern die Herstellung der erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen, ohne die Erfindung auf diese Beispiele und Nukleinsäure-Sequenzen zu beschränken.

5

### Beispiel 1

#### Suche nach Tumor-bezogenen Kandidatengen

10

Zuerst wurden sämtliche ESTs des entsprechenden Gewebes aus der LifeSeq-Datenbank (vom Oktober 1997) extrahiert. Diese wurden dann mittels des Programms GAP4 des Staden-Pakets mit den Parametern 0% mismatch, 8 pads per read und einem minimalen match von 20 assembliert. Die nicht in die GAP4-Datenbank aufgenommenen Sequenzen (Fails) wurden erst bei 1% mismatch und dann nochmals bei 2% mismatch mit der Datenbank assembliert. Aus den Contigs der Datenbank, die aus mehr als einer Sequenz bestanden, wurden Consensussequenzen errechnet. Die Singletons der Datenbank, die nur aus einer Sequenz bestanden, wurden mit den nicht in die GAP4-Datenbank aufgenommenen Sequenzen bei 2% mismatch erneut assembliert. Wiederum wurden für die Contigs die Consensussequenzen ermittelt. Alle übrigen ESTs wurden bei 4% mismatch erneut assembliert. Die Consensussequenzen wurden abermals extrahiert und mit den vorherigen Consensussequenzen sowie den Singletons und den nicht in die Datenbank aufgenommenen Sequenzen abschließend bei 4% mismatch assembliert. Die Consensussequenzen wurden gebildet und mit den Singletons und Fails als Ausgangsbasis für die Gewebsvergleiche verwendet. Durch diese Prozedur konnte sichergestellt werden, daß unter den verwendeten Parametern sämtliche Sequenzen von einander unabhängige Genbereiche darstellten.

30 Fig. 2b1-2b4 veranschaulicht die Verlängerung der Brustgewebe ESTs.

Die so assemblierten Sequenzen der jeweiligen Gewebe wurden anschließend mittels des gleichen Programms miteinander verglichen (Fig. 3). Hierzu wurden erst alle Sequenzen des ersten Gewebes in die Datenbank eingegeben. (Daher war es wichtig, daß diese voneinander unabhängig waren.)

35 Dann wurden alle Sequenzen des zweiten Gewebes mit allen des ersten verglichen. Das Ergebnis waren Sequenzen, die für das erste bzw. das zweite Gewebe spezifisch waren, sowie welche, die in beiden vorkamen. Bei Letzteren wurde das Verhältnis der Häufigkeit des Vorkommens in den jeweiligen Geweben ausgewertet. Sämtliche, die Auswertung der assemblierten Sequenzen betreffenden Programme, wurden selbst entwickelt.

40 Alle Sequenzen, die mehr als viermal in jeweils einem der verglichenen Gewebe vorkamen, sowie alle, die mindestens fünfmal so häufig in einem der beiden Gewebe vorkamen wurden weiter untersucht. Diese Sequenzen wurden einem elektronischen Northern (s. Beispiel 2.1) unterzogen, wodurch die Verteilung in sämtlichen Tumor- und Normal-Geweben untersucht wurde (s. Fig. 4a und Fig. 4b). Die relevanten Kandidaten wurden dann mit Hilfe sämtlicher Incyte ESTs und allen ESTs öffentlicher Datenbanken verlängert (s. Beispiel 3). Anschließend wurden die Sequenzen und ihre Übersetzung in mögliche Proteine mit allen Nukleotid- und Proteindatenbanken verglichen, sowie auf mögliche, für Proteine kodierende Regionen untersucht.

50

## Beispiel 2

### Algorithmus zur Identifikation und Verlängerung von partiellen cDNA-Sequenzen mit verändertem Expressionsmuster

5

Im folgenden soll ein Algorithmus zur Auffindung über- oder unterexprimierter Gene erläutert werden. Die einzelnen Schritte sind der besseren Übersicht halber auch in einem Flußdiagramm zusammengefaßt (s. Fig. 4b).

10

#### 2.1 Elektronischer Northern-Blot

Zu einer partiellen DNA-Sequenz S, z. B. einem einzelnen EST oder einem Contig von ESTs, werden mittels eines Standardprogramms zur Homologiesuche, z. B. BLAST (Altschul, S. F., Gish W., Miller, W., Myers, E. W. und Lipman, D. J. (1990) *J. Mol. Biol.*, **215**, 403-410), BLAST2 (Altschul, S. F., Madden, T. L., Schäffer, A. A., Zhang, J., Zhang, Z., Miller, W. und Lipman, D. J. (1997) *Nucleic Acids Research* **25** 3389-3402) oder FASTA (Pearson, W. R. und Lipman, D. J. (1988) *Proc. Natl. Acad. Sci. USA* **85** 2444-2448), die homologen Sequenzen in verschiedenen nach Geweben geordneten (privaten oder öffentlichen) EST-Bibliotheken bestimmt. Die dadurch ermittelten (relativen oder absoluten) Gewebespezifischen Vorkommenshäufigkeiten dieser Partial-Sequenz S werden als elektronischer Northern-Blot bezeichnet.

25

## 2.1.1

Analog der unter 2.1 beschriebenen Verfahrensweise wurde die Sequenz Seq. ID No. 39 gefunden, die 21x stärker im normalen Brustgewebe als im Tumorgewebe vorkommt.

Die mögliche Funktion dieses Genbereiches betrifft humanes alpha-B-Crystallin.

Das Ergebnis ist wie folgt:

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 39

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
15	Blase	0.0139	0.0102	1.3639	0.7332
	Brust	0.0919	0.0044	21.0995	0.0474
	Eierstock	0.0091	0.0104	0.8765	1.1409
	Endokrines_Gewebe	0.0146	0.0027	5.3582	0.1866
	Gastrointestinal	0.0213	0.0048	4.4784	0.2233
20	Gehirn	0.1941	0.1358	1.4296	0.6995
	Haematopoetisch	0.0056	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0995	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Herz	0.2405	0.0000	undef	0.0000
25	Hoden	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0324	0.0142	2.2824	0.4381
	Magen-Speiserohre	0.0097	0.0230	0.4200	2.3811
	Muskel-Skelett	0.1456	0.0180	8.0893	0.1236
	Niere	0.0327	0.1643	0.1990	5.0254
30	Pankreas	0.0039	0.0055	0.6857	1.4584
	Penis	0.0539	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0238	0.0149	1.5980	0.6258
	Uterus	0.0363	0.0356	1.0212	0.9793
	Brust-Hyperplasie	0.0291			
35	Duennndarm	0.0156			
	Prostata-Hyperplasie	0.0119			
	Samenblase	0.0178			
	Sinnesorgane	0.0000			
40	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
45	Gastrointestinal	0.0031			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0079			
	Herz-Blutgefuesse	0.1063			
	Lunge	0.0074			
	Niere	0.0062			
50	Prostata	0.0249			
	Sinnesorgane	0.0419			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
55	Brust	0.2925			
	Eierstock-Uterus	0.0183			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0379			
60	Gastrointestinal	0.0244			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0874			
	Hoden	0.0234			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0462			
65	Prostata	0.0321			
	Sinnesorgane	0.0542			



## 2.1.2

Analog der unter 2.1 beschriebenen Verfahrensweise wurde die Sequenz Seq. ID No. 41 gefunden, die 15x stärker im normalen Brustgewebe als im Tumorgewebe vorkommt.

Die mögliche Funktion dieses Genbereiches betrifft humanes extrazelluläres Protein S1-5.

Das Ergebnis ist wie folgt:  
Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 41

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
15	Blase	0.0186	0.0026	7.2739	0.1375
	Brust	0.0666	0.0044	15.2895	0.0654
	Eierstock	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0347	0.0436	0.7954	1.2573
	Gastrointestinal	0.0078	0.0095	0.8143	1.2281
20	Gehirn	0.0288	0.0077	3.7599	0.2660
	Haematopoetisch	0.0028	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0497	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0498	0.0000	undef	0.0000
25	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0125	0.0095	1.3168	0.7594
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0086	0.0420	0.2039	4.9036
	Niere	0.0178	0.0000	undef	0.0000
30	Pankreas	0.0038	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0799			
35	Duenn darm	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0000			
40	Weisse_Blutkoerperchen	0.0070			
	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0031			
45	Gehirn	0.0313			
	Haematopoetisch	0.0039			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0074			
	Niere	0.0000			
50	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
55	Brust	0.0272			
	Eierstock-Uterus	0.0068			
	Endokrines_Gewebe	0.0245			
	Foetal	0.0099			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0156			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0120			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			

## 2.1.3

Analog der unter 2.1 beschriebenen Verfahrensweise wurde die Sequenz Seq. ID No. 42 gefunden, die 12x stärker im normalen Brustgewebe als im Tumorgewebe vorkommt.

Die mögliche Funktion dieses Genbereiches betrifft sezerniertes „frizzled-related protein“.

Das Ergebnis ist wie folgt:

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 42

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T    T/N	
15	Blase	0.0511	0.0026	20.00330	0.0500
	Brust	0.0533	0.0044	12.23160	0.0818
	Eierstock	0.0030	0.0078	0.3895	2.5671
	Endokrines_Gewebe	0.0128	0.0027	4.6885	0.2133
	Gastrointestinal	0.0039	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0059	0.0099	0.6021	1.6609
20	Haematopoetisch	0.0014	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0348	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0149	0.0065	2.2954	0.4356
	Herz	0.0085	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0061	0.0117	0.5224	1.9144
25	Lunge	0.0025	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0097	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0120	0.0240	0.4996	2.0015
	Niere	0.0535	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
30	Penis	0.0090	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0048	0.0085	0.5593	1.7879
	Uterus	0.0231	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.1126			
	Duenndarm	0.0156			
35	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0178			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
40		FOETUS %Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0615			
	Gastrointestinal	0.0031			
	Gehirn	0.0000			
45	Haematopoetisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0573			
	Lunge	0.0037			
	Niere	0.0000			
	Prostata	0.0249			
50	Sinnesorgane	0.0279			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit			
	Brust	0.0340			
55	Eierstock-Uterus	0.0205			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0117			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
60	Haut-Muskel	0.0194			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0161			
	Prostata	0.0000			
65	Sinnesorgane	0.0000			

In analoger Verfahrensweise wurden auch folgende Northern gefunden:

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 1

5		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
	Blase	0.0139	0.0179	0.7793	1.2831
	Brust	0.0160	0.0022	7.3390	0.1363
10	Eierstock	0.0030	0.0052	0.5843	1.7114
	Endokrines_Gewebe	0.0036	0.0109	0.3349	2.9861
	Gastrointestinal	0.0039	0.0238	0.1629	6.1405
	Gehirn	0.0102	0.0088	1.1612	0.8612
	Haematopoetisch	0.0070	0.0000	undef	0.0000
15	Haut	0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
	Herz	0.0011	0.0137	0.0771	12.9744
	Hoden	0.0122	0.0117	1.0447	0.9572
	Lunge	0.0037	0.0071	0.5267	1.8986
20	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0103	0.0120	0.8565	1.1675
	Niere	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0110	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Prostata	0.0048	0.0128	0.3729	2.6818
	Uterus	0.0066	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0109			
	Duenn darm	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
30	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0061			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0154			
40	Gehirn	0.0313			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0041			
	Lunge	0.0000			
	Niere	0.0371			
	Prostata	0.0000			
45	Sinnesorgane	0.0000			
50		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
	Eierstock-Uterus	0.0068			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0012			
55	Gastrointestinal	0.0244			
	Haematopoetisch	0.0114			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0078			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0020			
60	Prostata	0.0128			
	Sinnesorgane	0.0000			
65					

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 2

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haefufigkeit	%Haefufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Brust	0.0080	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0052	0.0000	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0036	0.0000	undef	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000	0.0143	0.0000	undef
	Gehirn	0.0093	0.0044	2.1289	0.4698
	Haematopoetisch	0.0014	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0099	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
	Herz	0.0032	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0117	0.0000	undef
	Lunge	0.0037	0.0024	1.5801	0.6329
	Magen-Speiserohre	0.0097	0.0000	undef	0.0000
20	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0030	0.0068	0.4342	2.3033
	Pankreas	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0071	0.0064	1.1186	0.8939
25	Uterus	0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0036			
	Duenn darm	0.0093			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0044			

		FOETUS
		%Haefufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0031
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0079
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
40	Lunge	0.0037
	Niere	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0140

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haefufigkeit
50	Brust	0.0000
	Eierstock-Uterus	0.0205
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0052
	Gastrointestinal	0.0122
55	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0065
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0082
	Nerven	0.0050
60	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 3

		NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N
5	Blase	0.0046		0.0000		undef	0.0000
	Brust	0.1066		0.0065		16.308	0.0613
	Eierstock	0.0030		0.0000		undef	0.0000
10	Endokrines_Gewebe	0.0000		0.0000		undef	undef
	Gastrointestinal	0.0000		0.0000		undef	undef
	Gehirn	0.0034		0.0000		undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0056		0.0000		undef	0.0000
	Haut	0.0448		0.0000		undef	0.0000
15	Hepatisch	0.0000		0.0000		undef	undef
	Herz	0.0095		0.0000		undef	0.0000
	Hoden	0.0000		0.0000		undef	undef
	Lunge	0.0000		0.0000		undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000		0.0000		undef	undef
20	Muskel-Skelett	0.0034		0.0000		undef	0.0000
	Niere	0.0059		0.0000		undef	0.0000
	Pankreas	0.0038		0.0000		undef	0.0000
	Penis	0.0000		0.0000		undef	undef
	Prostata	0.0000		0.0021		0.0000	undef
25	Uterus	0.0000		0.0000		undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0400					
	Duendarm	0.0000					
	Prostata-Hyperplasie	0.0000					
	Samenblase	0.0000					
30	Sinnesorgane	0.0000					
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000					
		FOETUS					
		%Haeufigkeit					
35	Entwicklung	0.0000					
	Gastrointestinal	0.0000					
	Gehirn	0.0000					
	Haematopoetisch	0.0000					
40	Herz-Blutgefuesse	0.0000					
	Lunge	0.0000					
	Niere	0.0000					
	Prostata	0.0000					
	Sinnesorgane	0.0000					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
		%Haeufigkeit					
50	Brust	0.0136					
	Eierstock-Uterus	0.0000					
	Endokrines_Gewebe	0.0000					
	Foetal	0.0023					
	Gastrointestinal	0.0122					
55	Haematopoetisch	0.0000					
	Haut-Muskel	0.0000					
	Hoden	0.0000					
	Lunge	0.0000					
	Nerven	0.0000					
	Prostata	0.0000					
	Sinnesorgane	0.0000					

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 4

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0133	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0018	0.0054	0.3349	2.9861
	Gastrointestinal	0.0078	0.0048	1.6285	0.6141
	Gehirn	0.0034	0.0022	1.5482	0.6459
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0099	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0025	0.0024	1.0534	0.9493
20	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0060	0.0000	undef
	Niere	0.0089	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000
25	Prostata	0.0024	0.0021	1.1186	0.8939
	Uterus	0.0033	0.0214	0.1547	6.4632
	Brust-Hyperplasie	0.0073			
	Duenn darm	0.0000			
30	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0154
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
40	Haematopoetisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0000
	Niere	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
45	Brust	0.0000
	Eierstock-Uterus	0.0160
	Endokrines_Gewebe	0.0000
50	Foetal	0.0017
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
55	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0020
	Prostata	0.0064
60	Sinnesorgane	0.0155

65

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 5

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase 0.0790	0.0435	1.8185	0.5499
	Brust 0.0187	0.0022	8.5621	0.1168
	Eierstock 0.0122	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe 0.0000	0.0027	0.0000	undef
10	Gastrointestinal 0.0329	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn 0.0085	0.0033	2.5804	0.3875
	Haematopoetisch 0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut 0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz 0.0217	0.0000	undef	0.0000
	Hoden 0.0121	0.0117	1.0447	0.9572
	Lunge 0.0025	0.0071	0.3511	2.8478
	Magen-Speiserohre 0.1159	0.0383	3.0238	0.3307
	Muskel-Skelett 0.0240	0.0000	undef	0.0000
20	Niere 0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas 0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Penis 0.0898	0.0000	undef	0.0000
	Prostata 0.0262	0.0192	1.3672	0.7314
	Uterus 0.0099	0.0427	0.2321	4.3088
25	Brust-Hyperplasie 0.0291			
	Duenn darm 0.0530			
	Prostata-Hyperplasie 0.0178			
	Samenblase 0.0445			
	Sinnesorgane 0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000			

	FOETUS
	%Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0000
	Gastrointestinal 0.0092
	Gehirn 0.0000
	Haematopoetisch 0.0000
	Herz-Blutgefuesse 0.0041
40	Lunge 0.0000
	Niere 0.0000
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
	%Haeufigkeit
45	Brust 0.0000
	Eierstock-Uterus 0.0160
50	Endokrines_Gewebe 0.0000
	Foetal 0.0017
	Gastrointestinal 0.0122
	Haematopoetisch 0.0000
	Haut-Muskel 0.0000
55	Hoden 0.0000
	Lunge 0.0000
	Nerven 0.0020
	Prostata 0.0064
	Sinnesorgane 0.0000
60	
65	





## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 11

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0067	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0073	0.0054	1.3396	0.7465
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0048	0.0000	undef
	Gehirn	0.0144	0.0110	1.3160	0.7599
	Haematopoetisch	0.0014	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
15	Herz	0.0042	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0117	0.0000	undef
	Lunge	0.0025	0.0095	0.2634	3.7971
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0060	0.5710	1.7513
20	Niere	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0048	0.0149	0.3196	3.1288
	Uterus	0.0033	0.0000	undef	0.0000
25	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Duenn darm	0.0093			
	Prostata-Hyperplasie	0.0149			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0026			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0123
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
40	Lunge	0.0000
	Niere	0.0124
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
	Brust	0.0000
	Eierstock-Uterus	0.0091
50	Endokrines_Gewebe	0.0245
	Foetal	0.0029
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0114
	Haut-Muskel	0.0000
55	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0080
	Prostata	0.0128
60	Sinnesorgane	0.0000

65

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 12

	NORMAL	TUMOR	Verhältnisse	
	%Häufigkeit	%Häufigkeit	N/T	T/N
5	Blase 0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust 0.0093	0.0022	4.2811	0.2336
	Eierstock 0.0000	0.0104	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe 0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal 0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gehirn 0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch 0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut 0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz 0.0011	0.0000	undef	0.0000
15	Hoden 0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge 0.0037	0.0024	1.5801	0.6329
	Magen-Speiseröhre 0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett 0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere 0.0030	0.0000	undef	0.0000
20	Pankreas 0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis 0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata 0.0024	0.0000	undef	0.0000
	Uterus 0.0017	0.0000	undef	0.0000
25	Brust-Hyperplasie 0.0073			
	Duenn darm 0.0000			
	Prostata-Hyperplasie 0.0000			
	Samenblase 0.0000			
	Sinnesorgane 0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen 0.0009			
	FOETUS			
	%Häufigkeit			
35	Entwicklung 0.0000			
	Gastrointestinal 0.0000			
	Gehirn 0.0000			
	Haematopoetisch 0.0039			
	Herz-Blutgefäesse 0.0000			
	Lunge 0.0000			
40	Niere 0.0000			
	Prostata 0.0000			
	Sinnesorgane 0.0000			
45	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
	%Häufigkeit			
	Brust 0.0000			
	Eierstock-Uterus 0.0023			
	Endokrines_Gewebe 0.0245			
50	Foetal 0.0035			
	Gastrointestinal 0.0000			
	Haematopoetisch 0.0000			
	Haut-Muskel 0.0032			
	Hoden 0.0000			
55	Lunge 0.0000			
	Nerven 0.0030			
	Prostata 0.0000			
	Sinnesorgane 0.0232			
60				
65				

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 13

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0093	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0080	0.0022	3.6695	0.2725
	Eierstock	0.0091	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0128	0.0054	2.3442	0.4266
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0048	0.0000	undef
	Gehirn	0.0042	0.0022	1.9353	0.5167
	Haematopoetisch	0.0014	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0032	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0012	0.0024	0.5267	1.8986
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0051	0.0060	0.8565	1.1675
20	Niere	0.0030	0.0137	0.2171	4.6066
	Pankreas	0.0000	0.0055	0.0000	undef
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0048	0.0000	undef	0.0000
	Uterus	0.0083	0.0356	0.2321	4.3086
25	Brust-Hyperplasie	0.0073			
	Duendarm	0.0125			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0044			
FOETUS					
		%Haeufigkeit			
35	Entwicklung	0.0154			
	Gastrointestinal	0.0092			
	Gehirn	0.0063			
	Haematopoetisch	0.0079			
	Herz-Blutgefuesse	0.0164			
40	Lunge	0.0074			
	Niere	0.0185			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
45	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
	Eierstock-Uterus	0.0046			
50	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0128			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
55	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0010			
	Prostata	0.0064			
	Sinnesorgane	0.0000			





## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 16

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0093	0.0051	1.8185	0.5499
	Brust	0.0160	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0091	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0018	0.0000	undef	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gehirn	0.0017	0.0011	1.5482	0.6459
	Haematopoetisch	0.0014	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0021	0.0000	undef	0.0000
15	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0025	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0060	0.5710	1.7513
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0090	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0024	0.0000	undef	0.0000
	Uterus	0.0099	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
25	Duenn darm	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
35	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0063			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
40	Lunge	0.0074			
	Niere	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0558			
45		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
	Eierstock-Uterus	0.0023			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
50	Foetal	0.0064			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0032			
	Hoden	0.0000			
55	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0010			
	Prostata	0.0064			
	Sinnesorgane	0.0000			
60					
65					

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 18

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0232	0.0026	9.0924	0.1100
	Brust	0.0306	0.0044	7.0332	0.1422
	Eierstock	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0027	0.0000	undef
10	Gastrointestinal	0.0252	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0017	0.0011	1.5482	0.6459
	Haematopoetisch	0.0042	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0249	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
15	Herz	0.0148	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0037	0.0024	1.5801	0.6329
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0274	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0057	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0120	0.0267	0.4492	2.2260
	Prostata	0.0095	0.0000	undef	0.0000
	Uterus	0.0132	0.0000	undef	0.0000
25	Brust-Hyperplasie	0.0291			
	Duendarm	0.0062			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0118			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0123
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0039
	Herz-Blutgefuesse	0.0041
40	Lunge	0.0000
	Niere	0.0062
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
	Brust	0.0204
	Eierstock-Uterus	0.0068
50	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0047
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
55	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0000
	Prostata	0.0000
60	Sinnesorgane	0.0000

65









## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 23

		NORMAL	TUMOR	Vernaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0046	0.0026	1.8185	0.5499
	Brust	0.0133	0.0022	6.1158	0.1635
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0036	0.0027	1.3396	0.7465
	Gastrointestinal	0.0097	0.0000	undef	0.0000
10	Gehirn	0.0008	0.0033	0.2580	3.8754
	Haematopoetisch	0.0014	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
15	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0069	0.0060	1.1420	0.8756
	Niere	0.0149	0.0000	undef	0.0000
20	Pankreas	0.0038	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0024	0.0000	undef	0.0000
	Uterus	0.0033	0.0071	0.4642	2.1544
	Brust-Hyperplasie	0.0036			
25	Duendarm	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0118			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
			FOETUS		
			%Haeufigkeit		
	Entwicklung		0.0000		
35	Gastrointestinal		0.0031		
	Gehirn		0.0000		
	Haematopoetisch		0.0000		
	Herz-Blutgefuesse		0.0041		
40	Lunge		0.0037		
	Niere		0.0062		
	Prostata		0.0000		
	Sinnesorgane		0.0000		
45			NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN		
			%Haeufigkeit		
	Brust		0.0136		
	Eierstock-Uterus		0.0046		
	Endokrines_Gewebe		0.0490		
50	Foetal		0.0198		
	Gastrointestinal		0.0000		
	Haematopoetisch		0.0000		
	Haut-Muskel		0.0000		
55	Hoden		0.0000		
	Lunge		0.0000		
	Nerven		0.0020		
	Prostata		0.0192		
	Sinnesorgane		0.0000		
60					
65					

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 24

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0139	0.0153	0.9092	1.0998
	Brust	0.0173	0.0022	7.9505	0.1258
	Eierstock	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0018	0.0027	0.6698	1.4930
	Gastrointestinal	0.0058	0.0000	undef	0.0000
10	Gehirn	0.0085	0.0142	0.5955	1.6794
	Haematopoetisch	0.0042	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0298	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Herz	0.0106	0.0000	undef	0.0000
15	Hoden	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0037	0.0071	0.5267	1.8986
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0103	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0178	0.0068	2.6050	0.3839
20	Pankreas	0.0019	0.0055	0.3428	2.9168
	Penis	0.0000	0.0533	0.0000	undef
	Prostata	0.0048	0.0021	2.2373	0.4470
	Uterus	0.0033	0.0000	undef	0.0000
25	Brust-Hyperplasie	0.0327			
	Duendarm	0.0062			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0118			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0244			
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
35	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0039			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
40	Lunge	0.0074			
	Niere	0.0062			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0279			
45		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
	Eierstock-Uterus	0.0023			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
50	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0114			
	Haut-Muskel	0.0065			
55	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0050			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
60					
65					

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 25

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0651	0.0204	3.1823	0.3142
	Brust	0.0400	0.0065	6.1158	0.1635
	Eierstock	0.0213	0.0026	8.1803	0.1222
	Endokrines_Gewebe	0.0109	0.0163	0.6698	1.4930
	Gastrointestinal	0.0271	0.0000	undef	0.0000
10	Gehirn	0.0119	0.0066	1.8062	0.5536
	Haematopoetisch	0.0196	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0199	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0050	0.0065	0.7651	1.3069
	Herz	0.0286	0.0000	undef	0.0000
15	Hoden	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0174	0.0047	3.6870	0.2712
	Magen-Speiserohre	0.0193	0.0077	2.5198	0.3968
	Muskel-Skelett	0.0206	0.0120	1.7130	0.5838
	Niere	0.0089	0.0068	1.3025	0.7678
20	Pankreas	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0599	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0214	0.0362	0.5922	1.6886
	Uterus	0.0430	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0254			
25	Duennndarm	0.0343			
	Prostata-Hyperplasie	0.0297			
	Samenblase	0.0356			
	Sinnesorgane	0.0118			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
			FOETUS		
			%Haeufigkeit		
35	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0092			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0197			
	Herz-Blutgefuesse	0.0041			
40	Lunge	0.0185			
	Niere	0.0309			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
45			NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN		
			%Haeufigkeit		
	Brust	0.0816			
	Eierstock-Uterus	0.0160			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
50	Foetal	0.0105			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
55	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0040			
	Prostata	0.0385			
	Sinnesorgane	0.0000			
60					
65					



## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 28

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0093	0.0102	0.9092	1.0998
	Brust	0.0267	0.0087	3.0579	0.3270
	Eierstock	0.0091	0.0156	0.5843	1.7114
10	Endokrines_Gewebe	0.0128	0.0082	1.5628	0.6399
	Gastrointestinal	0.0174	0.0095	1.8321	0.5458
	Gehirn	0.0127	0.0153	0.8294	1.2057
	Haematopoetisch	0.0042	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0149	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch	0.0149	0.0194	0.7651	1.3069
	Herz	0.0085	0.0137	0.6166	1.6218
	Hoden	0.0000	0.0117	0.0000	undef
	Lunge	0.0212	0.0189	1.1193	0.8934
	Magen-Speiserohre	0.0097	0.0000	undef	0.0000
20	Muskel-Skelett	0.0240	0.0120	1.9985	0.5004
	Niere	0.0119	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0114	0.0166	0.6857	1.4584
	Penis	0.0090	0.0267	0.3369	2.9680
	Prostata	0.0191	0.0298	0.6392	1.5644
25	Uterus	0.0149	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0109			
	Duenn darm	0.0093			
	Prostata-Hyperplasie	0.0178			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0113			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0247
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0079
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
40	Lunge	0.0074
	Niere	0.0062
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
45	Brust	0.0068
	Eierstock-Uterus	0.0160
	Endokrines_Gewebe	0.0490
	Foetal	0.0245
	Gastrointestinal	0.0122
50	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0227
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0164
	Nerven	0.0211
55	Prostata	0.0256
	Sinnesorgane	0.0000
60		
65		

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 29

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0179	0.0000	undef
	Brust	0.0466	0.0131	3.5675	0.2803
	Eierstock	0.0304	0.0130	2.3372	0.4279
	Endokrines_Gewebe	0.0237	0.0300	0.7916	1.2633
10	Gastrointestinal	0.0136	0.0238	0.5700	1.7544
	Gehirn	0.0424	0.0263	1.6127	0.6201
	Haematopoetisch	0.0070	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0348	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0198	0.0065	3.0606	0.3267
15	Herz	0.0265	0.0687	0.3854	2.5949
	Hoden	0.0244	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0336	0.0236	1.4221	0.7032
	Magen-Speiserohre	0.0482	0.0307	1.5749	0.6350
	Muskel-Skelett	0.0154	0.0240	0.6424	1.5567
20	Niere	0.0119	0.0274	0.4342	2.3033
	Pankreas	0.0133	0.0166	0.8000	1.2501
	Penis	0.0359	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0095	0.0170	0.5593	1.7879
	Uterus	0.0132	0.0000	undef	0.0000
25	Brust-Hyperplasie	0.0291			
	Duennndarm	0.0187			
	Prostata-Hyperplasie	0.0149			
	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0118			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0052			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0154
	Gastrointestinal	0.0277
	Gehirn	0.0188
	Haematopoetisch	0.0236
	Herz-Blutgefuesse	0.0368
40	Lunge	0.0407
	Niere	0.0309
	Prostata	0.0249
	Sinnesorgane	0.0279

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
	Brust	0.0136
	Eierstock-Uterus	0.0228
50	Endokrines_Gewebe	0.0245
	Foetal	0.0280
	Gastrointestinal	0.0122
	Haematopoetisch	0.0171
	Haut-Muskel	0.0648
55	Hoden	0.0156
	Lunge	0.0246
	Nerven	0.0221
	Prostata	0.0192
60	Sinnesorgane	0.1393

65



## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 30

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0093	0.0026	3.6370	0.2750
	Brust	0.0040	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0036	0.0082	0.4465	2.2395
	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
10	Gehirn	0.0000	0.0120	0.0000	undef
	Haematopoetisch	0.0028	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0053	0.0000	undef	0.0000
15	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0193	0.0077	2.5198	0.3968
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Pankreas	0.0019	0.0055	0.3428	2.9168
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0048	0.0085	0.5593	1.7879
	Uterus	0.0033	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0073			
25	Duendarm	0.0062			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
35	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0092			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0039			
	Herz-Blutgefuesse	0.0041			
40	Lunge	0.0037			
	Niere	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
45		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0136			
	Eierstock-Uterus	0.0114			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
50	Foetal	0.0087			
	Gastrointestinal	0.0122			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0065			
55	Hoden	0.0156			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0040			
	Prostata	0.0128			
	Sinnesorgane	0.0000			
60					
65					



## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 32

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0139	0.0077	1.8185	0.5499
	Brust	0.0227	0.0044	5.1984	0.1924
	Eierstock	0.0030	0.0156	0.1948	5.1343
	Endokrines_Gewebe	0.0109	0.0054	2.0093	0.4977
	Gastrointestinal	0.0136	0.0143	0.9500	1.0527
10	Gehirn	0.0059	0.0033	1.8062	0.5536
	Haematopoetisch	0.0028	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Herz	0.0064	0.0137	0.4624	2.1624
15	Hoden	0.0366	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0307	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0120	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0030	0.0000	undef	0.0000
20	Pankreas	0.0038	0.0055	0.6857	1.4584
	Penis	0.0210	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0024	0.0106	0.2237	4.4697
	Uterus	0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0073			
25	Duendarm	0.0218			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0035			
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
35	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0123			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0041			
40	Lunge	0.0037			
	Niere	0.0000			
	Prostata	0.0249			
	Sinnesorgane	0.0000			
45		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0272			
	Eierstock-Uterus	0.0046			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
50	Foetal	0.0070			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0285			
	Haut-Muskel	0.0000			
55	Hoden	0.0156			
	Lunge	0.0164			
	Nerven	0.0100			
	Prostata	0.0256			
	Sinnesorgane	0.0000			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 33

		NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N
5	Blase	0.0093		0.0128		0.7274	1.3748
	Brust	0.0200		0.0044		4.5868	0.2180
	Eierstock	0.0091		0.0078		1.1686	0.8557
10	Endokrines_Gewebe	0.0018		0.0191		0.0957	10.4512
	Gastrointestinal	0.0116		0.0000		undef	0.0000
	Gehirn	0.0110		0.0197		0.5591	1.7887
	Haematopoetisch	0.0070		0.0000		undef	0.0000
	Haut	0.0099		0.0000		undef	0.0000
15	Hepatisch	0.0000		0.0000		undef	undef
	Herz	0.0021		0.0137		0.1541	6.4872
	Hoden	0.0061		0.0117		0.5224	1.9144
	Lunge	0.0075		0.0118		0.6321	1.5821
	Magen-Speiseröhre	0.0193		0.0000		undef	0.0000
20	Muskel-Skelett	0.0017		0.0240		0.0714	14.0102
	Niere	0.0149		0.0000		undef	0.0000
	Pankreas	0.0019		0.0055		0.3428	2.9168
	Penis	0.0060		0.0000		undef	0.0000
	Prostata	0.0238		0.0192		1.2429	0.8046
25	Uterus	0.0116		0.0000		undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0036					
	Duenn darm	0.0125					
	Prostata-Hyperplasie	0.0059					
	Samenblase	0.0178					
30	Sinnesorgane	0.0118					
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0061					

		FOETUS	
		%Haeufigkeit	
35	Entwicklung	0.0000	
	Gastrointestinal	0.0092	
	Gehirn	0.0000	
40	Haematopoetisch	0.0157	
	Herz-Blutgefuesse	0.0000	
	Lunge	0.0074	
	Niere	0.0062	
	Prostata	0.0000	
	Sinnesorgane	0.0000	

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
		%Haeufigkeit	
45	Brust	0.0136	
	Eierstock-Uterus	0.0068	
	Endokrines_Gewebe	0.0000	
50	Foetal	0.0192	
	Gastrointestinal	0.0000	
	Haematopoetisch	0.0114	
	Haut-Muskel	0.0097	
	Hoden	0.0234	
55	Lunge	0.0000	
	Nerven	0.0131	
	Prostata	0.0064	
60	Sinnesorgane	0.0000	

65

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 34

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Brust	0.0147	0.0022	6.7274	0.1486
	Eierstock	0.0091	0.0052	1.7529	0.5705
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0027	0.0000	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0048	0.0000	undef
	Gehirn	0.0008	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0056	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus	0.0033	0.0000	undef	0.0000
25	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Duennndarm	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0154
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
40	Lunge	0.0000
	Niere	0.0062
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0279

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
	Brust	0.0000
	Eierstock-Uterus	0.0000
50	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0041
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
55	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0020
	Prostata	0.0000
60	Sinnesorgane	0.0000

65

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 35

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0227	0.0022	10.3969	0.0962
	Eierstock	0.0030	0.0000	undef	0.0000
10	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
30	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
35	Uterus	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Duenn darm	0.0000			
40	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
45	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
50	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
55	Haematopoetisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
60	Niere	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
65					
70					
75					
80					
85					
90					
95					
100					

FOETUS  
%HaeufigkeitNORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN  
%Haeufigkeit

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 36

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0325	0.0077	4.2431	0.2357
	Brust	0.0386	0.0065	5.9119	0.1691
	Eierstock	0.0112	0.0000	undef	0.0000
10	Endokrines_Gewebe	0.0036	0.0027	1.3396	0.7465
	Gastrointestinal	0.0058	0.0048	1.2214	0.8187
	Gehirn	0.0110	0.0033	3.3545	0.2981
	Haematopoetisch	0.0140	0.0000	undef	0.0000
15	Haut	0.0149	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0059	0.0065	1.5303	0.6535
	Herz	0.0085	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0122	0.0000	undef	0.0000
20	Lunge	0.0112	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0193	0.0230	0.8399	1.1905
	Muskel-Skelett	0.0137	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Pankreas	0.0019	0.0110	0.1714	5.8337
	Penis	0.0120	0.0000	undef	0.0000
25	Prostata	0.0071	0.0021	3.3559	0.2980
	Uterus	0.0165	0.0071	2.3208	0.4309
	Brust-Hyperplasie	0.0036			
	Duenn darm	0.0000			
30	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0062
	Gehirn	0.0000
40	Haematopoetisch	0.0079
	Herz-Blutgefuesse	0.0041
	Lunge	0.0000
	Niere	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
45		

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0544
	Eierstock-Uterus	0.0114
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0000
	Gastrointestinal	0.0122
	Haematopoetisch	0.0114
55	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0060
60	Prostata	0.0128
	Sinnesorgane	0.0000

65

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 37

		NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N
5	Blase	0.0046		0.0077		0.6062	1.6497
	Brust	0.1053		0.0131		8.0525	0.1242
	Eierstock	0.0000		0.0000		undef	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0000		0.0000		undef	undef
	Gastrointestinal	0.0058		0.0048		1.2214	0.8187
	Gehirn	0.0059		0.0000		undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0084		0.0000		undef	0.0000
	Haut	0.0348		0.0000		undef	0.0000
	Hepatisch	0.0099		0.0000		undef	0.0000
15	Herz	0.0201		0.0000		undef	0.0000
	Hoden	0.0061		0.0000		undef	0.0000
	Lunge	0.0012		0.0000		undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0000		0.0000		undef	undef
20	Muskel-Skelett	0.0223		0.0240		0.9279	1.0777
	Niere	0.0000		0.0000		undef	undef
	Pankreas	0.0019		0.0000		undef	0.0000
	Penis	0.0120		0.0000		undef	0.0000
	Prostata	0.0024		0.0043		0.5593	1.7879
	Uterus	0.0083		0.0000		undef	0.0000
25	Brust-Hyperplasie	0.0618					
	Duendarm	0.0093					
	Prostata-Hyperplasie	0.0000					
	Samenblase	0.0178					
30	Sinnesorgane	0.0000					
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000					
		FOETUS					
		%Haeufigkeit					
35	Entwicklung	0.0000					
	Gastrointestinal	0.0062					
	Gehirn	0.0000					
	Haematopoetisch	0.0000					
40	Herz-Blutgefuesse	0.0000					
	Lunge	0.0000					
	Niere	0.0000					
	Prostata	0.0000					
45	Sinnesorgane	0.0000					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
		%Haeufigkeit					
50	Brust	0.1632					
	Eierstock-Uterus	0.0000					
	Endokrines_Gewebe	0.0490					
	Foetal	0.0000					
55	Gastrointestinal	0.0000					
	Haematopoetisch	0.0000					
	Haut-Muskel	0.0000					
	Hoden	0.0000					
	Lunge	0.0000					
	Nerven	0.0000					
	Prostata	0.0000					
	Sinnesorgane	0.0000					





## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 40

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0325	0.0051	6.3647	0.1571
	Brust	0.0267	0.0065	4.0772	0.2453
	Eierstock	0.0030	0.0026	1.1686	0.8557
	Endokrines_Gewebe	0.0146	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0039	0.0095	0.4071	2.4562
	Gehirn	0.0068	0.0307	0.2212	4.5213
	Haematopoetisch	0.0028	0.0378	0.0739	13.5274
	Haut	0.0149	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0198	0.0129	1.5303	0.6535
15	Herz	0.1303	0.3299	0.3950	2.5316
	Hoden	0.0183	0.0351	0.5224	1.9144
	Lunge	0.0174	0.0118	1.4748	0.6781
	Magen-Speiserohre	0.0097	0.0460	0.2100	4.7622
	Muskel-Skelett	0.0188	0.0300	0.6281	1.5921
20	Niere	0.0119	0.0479	0.2481	4.0308
	Pankreas	0.0057	0.0055	1.0285	0.9723
	Penis	0.0180	0.0267	0.6739	1.4840
	Prostata	0.0143	0.0021	6.7118	0.1490
	Uterus	0.0149	0.0000	undef	0.0000
25	Brust-Hyperplasie	0.0327			
	Duenn darm	0.0093			
	Prostata-Hyperplasie	0.0208			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.1058			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0031
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
40	Lunge	0.0074
	Niere	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0977

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
	Brust	0.0408
	Eierstock-Uterus	0.0137
50	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0122
	Gastrointestinal	0.0244
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0032
55	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0246
	Nerven	0.0090
	Prostata	0.0000
60	Sinnesorgane	0.0852

65

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 43

		NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N
5	Blase	0.0000		0.0051		0.0000	undef
	Brust	0.0253		0.0044		5.8100	0.1721
	Eierstock	0.0152		0.0338		0.4495	2.2249
	Endokrines_Gewebe	0.0109		0.0054		2.0093	0.4977
10	Gastrointestinal	0.0097		0.0000		undef	0.0000
	Gehirn	0.0136		0.0044		3.0964	0.3230
	Haematopoetisch	0.0098		0.0000		undef	0.0000
	Haut	0.0099		0.0000		undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000		0.0065		0.0000	undef
15	Herz	0.0021		0.0000		undef	0.0000
	Hoden	0.0000		0.0000		undef	undef
	Lunge	0.0062		0.0024		2.6336	0.3797
	Magen-Speiserohre	0.0000		0.0000		undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0051		0.0000		undef	0.0000
20	Niere	0.0030		0.0068		0.4342	2.3033
	Pankreas	0.0019		0.0110		0.1714	5.8337
	Penis	0.0090		0.0000		undef	0.0000
	Prostata	0.0095		0.0064		1.4915	0.6705
	Uterus	0.0083		0.0000		undef	0.0000
25	Brust-Hyperplasie	0.0036					
	Duenn darm	0.0093					
	Prostata-Hyperplasie	0.0089					
	Samenblase	0.0000					
	Sinnesorgane	0.0000					
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0096					
		FOETUS					
		%Haeufigkeit					
35	Entwicklung	0.0000					
	Gastrointestinal	0.0123					
	Gehirn	0.0188					
	Haematopoetisch	0.0079					
	Herz-Blutgefuesse	0.0082					
40	Lunge	0.0111					
	Niere	0.0124					
	Prostata	0.0000					
	Sinnesorgane	0.0000					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
		%Haeufigkeit					
	Brust	0.0000					
	Eierstock-Uterus	0.0023					
50	Endokrines_Gewebe	0.0000					
	Foetal	0.0099					
	Gastrointestinal	0.0122					
	Haematopoetisch	0.0000					
	Haut-Muskel	0.0227					
55	Hoden	0.0000					
	Lunge	0.0000					
	Nerven	0.0070					
	Prostata	0.0064					
	Sinnesorgane	0.0000					
60							
65							

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 45

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0200	0.0022	9.1737	0.1090
	Eierstock	0.0000	0.0026	0.0000	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal	0.0058	0.0048	1.2214	0.8187
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Haematopoetisch	0.0056	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0249	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Herz	0.0064	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
30	Pankreas	0.0038	0.0055	0.6857	1.4584
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
35	Uterus	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0254			
	Duennndarm	0.0125			
40	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
45	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0031
	Gehirn	0.0000
40	Haematopoetisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0000
45	Niere	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0000
	Eierstock-Uterus	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000
55	Foetal	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
60	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
65	Nerven	0.0000
	Prostata	0.0064
	Sinnesorgane	0.0000





## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 49

		NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N
5	Blase	0.0186		0.0077		2.4246	0.4124
	Brust	0.0293		0.0087		3.3637	0.2973
	Eierstock	0.0091		0.0234		0.3895	2.5671
	Endokrines_Gewebe	0.0091		0.0327		0.2791	3.5833
	Gastrointestinal	0.0116		0.0143		0.8143	1.2281
10	Gehirn	0.0110		0.0110		1.0063	0.9937
	Haematopoetisch	0.0112		0.0000		undef	0.0000
	Haut	0.0199		0.0000		undef	0.0000
	Hepatisch	0.0149		0.0065		2.2954	0.4356
	Herz	0.0392		0.0000		undef	0.0000
15	Hoden	0.0122		0.0117		1.0447	0.9572
	Lunge	0.0224		0.0071		3.1603	0.3164
	Magen-Speiserohre	0.0097		0.0230		0.4200	2.3811
	Muskel-Skelett	0.0188		0.0300		0.6281	1.5921
	Niere	0.0119		0.0137		0.8683	1.1517
20	Pankreas	0.0076		0.0000		undef	0.0000
	Penis	0.0150		0.0267		0.5615	1.7808
	Prostata	0.0238		0.0128		1.8644	0.5364
	Uterus	0.0198		0.0000		undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0182					
25	Duenn darm	0.0125					
	Prostata-Hyperplasie	0.0178					
	Samenblase	0.0000					
	Sinnesorgane	0.0000					
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0252					
30							
35							
40							
45							
50							
55							
60							
65							





## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 51

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0093	0.0077	1.2123	0.8249
	Brust	0.0133	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0078	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0018	0.0000	undef	0.0000
	Gastrointestinal	0.0097	0.0095	1.0178	0.9825
10	Gehirn	0.0025	0.0099	0.2580	3.8754
	Haematopoetisch	0.0084	0.0378	0.2218	4.5091
	Haut	0.0099	0.0847	0.1175	8.5131
	Hepatisch	0.0099	0.0065	1.5303	0.6535
	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
15	Hoden	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0100	0.0095	1.0534	0.9493
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0343	0.0060	5.7101	0.1751
20	Niere	0.0000	0.0137	0.0000	undef
	Pankreas	0.0000	0.0110	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0071	0.0043	1.6779	0.5960
	Uterus	0.0033	0.0071	0.4642	2.1544
25	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Duennndarm	0.0062			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0118			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0209			
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
35	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0039			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
40	Lunge	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
45		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
	Eierstock-Uterus	0.0160			
	Endokrines_Gewebe	0.0735			
50	Foetal	0.0140			
	Gastrointestinal	0.0366			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
55	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0010			
	Prostata	0.0128			
	Sinnesorgane	0.0000			
60					
65					











## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 59

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Brust	0.0133	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0104	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gehirn	0.0008	0.0011	0.7741	1.2918
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
15	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0025	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0038	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0071	0.0021	3.3559	0.2980
	Uterus	0.0017	0.0000	undef	0.0000
25	Brust-Hyperplasie	0.0036			
	Duenn darm	0.0031			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
35	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
40	Lunge	0.0074			
	Niere	0.0062			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0279			
45		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
	Eierstock-Uterus	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
50	Foetal	0.0082			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0097			
55	Hoden	0.0156			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0040			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
60					
65					







## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 62

		NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N
5	Blase	0.0000		0.0026		0.0000	undef
	Brust	0.0120		0.0022		5.5042	0.1817
	Eierstock	0.0030		0.0104		0.2922	3.4228
10	Endokrines_Gewebe	0.0055		0.0027		2.0093	0.4977
	Gastrointestinal	0.0058		0.0048		1.2214	0.8187
	Gehirn	0.0119		0.0131		0.9031	1.1073
	Haematopoetisch	0.0070		0.0000		undef	0.0000
	Haut	0.0000		0.0000		undef	undef
15	Hepatisch	0.0000		0.0065		0.0000	undef
	Herz	0.0000		0.0137		0.0000	undef
	Hoden	0.0183		0.0000		undef	0.0000
	Lunge	0.0037		0.0024		1.5801	0.6329
	Magen-Speiserohre	0.0000		0.0077		0.0000	undef
20	Muskel-Skelett	0.0017		0.0060		0.2855	3.5025
	Niere	0.0030		0.0000		undef	0.0000
	Pankreas	0.0000		0.0000		undef	undef
	Penis	0.0090		0.0000		undef	0.0000
	Prostata	0.0024		0.0085		0.2797	3.5758
25	Uterus	0.0083		0.0142		0.5802	1.7235
	Brust-Hyperplasie	0.0073					
	Duenn darm	0.0000					
	Prostata-Hyperplasie	0.0000					
	Samenblase	0.0000					
30	Sinnesorgane	0.0353					
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0044					
		FOETUS					
		%Haeufigkeit					
35	Entwicklung	0.0307					
	Gastrointestinal	0.0123					
	Gehirn	0.0000					
	Haematopoetisch	0.0079					
40	Herz-Blutgefuesse	0.0000					
	Lunge	0.0000					
	Niere	0.0000					
	Prostata	0.0000					
45	Sinnesorgane	0.0000					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
		%Haeufigkeit					
50	Brust	0.0000					
	Eierstock-Uterus	0.0023					
	Endokrines_Gewebe	0.0245					
	Foetal	0.0052					
	Gastrointestinal	0.0000					
55	Haematopoetisch	0.0171					
	Haut-Muskel	0.0097					
	Hoden	0.0078					
	Lunge	0.0246					
	Nerven	0.0271					
60	Prostata	0.0192					
	Sinnesorgane	0.0000					

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 63

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0232	0.0204	1.1366	0.8799
	Brust	0.0267	0.0087	3.0579	0.3270
	Eierstock	0.0304	0.0130	2.3372	0.4279
10	Endokrines_Gewebe	0.0529	0.0735	0.7194	1.3901
	Gastrointestinal	0.0174	0.0048	3.6642	0.2729
	Gehirn	0.0170	0.0208	0.8148	1.2272
	Haematopoetisch	0.0070	0.0378	0.1848	5.4110
	Haut	0.0199	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch	0.0198	0.0000	undef	0.0000
	Herz	0.0180	0.0550	0.3276	3.0528
	Hoden	0.0122	0.0117	1.0447	0.9572
	Lunge	0.0249	0.0118	2.1069	0.4746
20	Magen-Speiserohre	0.0386	0.0153	2.5198	0.3968
	Muskel-Skelett	0.0120	0.0180	0.6662	1.5011
	Niere	0.0089	0.0068	1.3025	0.7678
	Pankreas	0.0170	0.0055	3.0855	0.3241
	Penis	0.0509	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0357	0.0149	2.3971	0.4172
25	Uterus	0.0297	0.0214	1.3925	0.7181
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Duenn darm	0.0093			
	Prostata-Hyperplasie	0.0178			
	Samenblase	0.0267			
30	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
FOETUS					
35	Entwicklung	0.0154			
	Gastrointestinal	0.0185			
	Gehirn	0.0125			
	Haematopoetisch	0.0000			
40	Herz-Blutgefuesse	0.0491			
	Lunge	0.0037			
	Niere	0.0432			
	Prostata	0.0000			
45	Sinnesorgane	0.0000			
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
		%Haeufigkeit			
50	Brust	0.0272			
	Eierstock-Uterus	0.0342			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0157			
	Gastrointestinal	0.0122			
55	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0648			
	Hoden	0.0312			
	Lunge	0.0246			
	Nerven	0.0151			
60	Prostata	0.0192			
	Sinnesorgane	0.0697			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 64

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0232	0.0102	2.2731	0.4399
	Brust	0.0240	0.0065	3.6695	0.2725
	Eierstock	0.0213	0.0416	0.5113	1.9559
	Endokrines_Gewebe	0.0237	0.0027	8.7071	0.1148
10	Gastrointestinal	0.0213	0.0381	0.5598	1.7863
	Gehirn	0.0136	0.0099	1.3762	0.7266
	Haematopoetisch	0.0042	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0050	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch	0.0248	0.0129	1.9129	0.5228
	Herz	0.0191	0.0137	1.3873	0.7208
	Hoden	0.0000	0.0117	0.0000	undef
	Lunge	0.0112	0.0095	1.1851	0.8438
20	Magen-Speiserohre	0.0097	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0051	0.0060	0.8565	1.1675
	Niere	0.0149	0.0205	0.7236	1.3820
	Pankreas	0.0076	0.0055	1.3713	0.7292
25	Penis	0.0269	0.0267	1.0108	0.9893
	Prostata	0.0333	0.0170	1.9576	0.5108
	Uterus	0.0099	0.0071	1.3925	0.7181
	Brust-Hyperplasie	0.0145			
30	Duenn darm	0.0343			
	Prostata-Hyperplasie	0.0178			
	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0139			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0062
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0039
40	Herz-Blutgefuesse	0.0082
	Lunge	0.0000
	Niere	0.0062
	Prostata	0.0249
45	Sinnesorgane	0.0140

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0000
	Eierstock-Uterus	0.0137
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0023
55	Gastrointestinal	0.0244
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0227
	Hoden	0.0000
60	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0110
	Prostata	0.0385
	Sinnesorgane	0.0155

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 65

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0139	0.0026	5.4554	0.1833
	Brust	0.0093	0.0022	4.2811	0.2336
	Eierstock	0.0000	0.0130	0.0000	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0036	0.0082	0.4465	2.2395
	Gastrointestinal	0.0000	0.0095	0.0000	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0028	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0085	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0012	0.0000	undef	0.0000
20	Magen-Speiserohre	0.0193	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000
25	Prostata	0.0048	0.0000	undef	0.0000
	Uterus	0.0066	0.0214	0.3094	3.2316
	Brust-Hyperplasie	0.0109			
	Duennndarm	0.0093			
30	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0178			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
40	Herz-Blutgefuesse	0.0041
	Lunge	0.0000
	Niere	0.0062
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0000
	Eierstock-Uterus	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0245
	Foetal	0.0070
55	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0065
	Hoden	0.0078
60	Lunge	0.0164
	Nerven	0.0000
	Prostata	0.0064
	Sinnesorgane	0.0000

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 66

5		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
	Blase	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Brust	0.0120	0.0022	5.5042	0.1817
	Eierstock	0.0030	0.0052	0.5843	1.7114
10	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0054	0.0000	undef
	Gastrointestinal	0.0039	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0008	0.0033	0.2580	3.8754
	Haematopoetisch	0.0070	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0050	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0053	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0117	0.0000	undef
	Lunge	0.0062	0.0071	0.8779	1.1391
20	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0119	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus	0.0033	0.0071	0.4642	2.1544
	Brust-Hyperplasie	0.0036			
	Duenn darm	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0061			

35		FOETUS
		%Haeufigkeit
	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0236
40	Herz-Blutgefuesse	0.0082
	Lunge	0.0074
	Niere	0.0000
	Prostata	0.0000
45	Sinnesorgane	0.0000

50		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
	Brust	0.0000
	Eierstock-Uterus	0.0046
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0023
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
55	Haut-Muskel	0.0130
	Hoden	0.0078
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0020
	Prostata	0.0000
60	Sinnesorgane	0.0000

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 67

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0232	0.0051	4.5462	0.2200
	Brust	0.0506	0.0044	11.6200	0.0861
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0036	0.0000	undef	0.0000
	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
10	Gehirn	0.0034	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0028	0.0378	0.0739	13.5274
	Haut	0.0348	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0254	0.0137	1.8498	0.5406
15	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0025	0.0071	0.3511	2.8478
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0240	0.0714	14.0102
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Pankreas	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0024	0.0000	undef	0.0000
	Uterus	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0872			
25	Duendarm	0.0093			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0044			
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
35	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0062			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0157			
	Herz-Blutgefuesse	0.0082			
40	Lunge	0.0074			
	Niere	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
45		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
	Eierstock-Uterus	0.0023			
50	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0035			
	Gastrointestinal	0.0122			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
55	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0020			
	Prostata	0.0064			
	Sinnesorgane	0.0000			
60					
65					

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 68

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0046	0.0077	0.6062	1.6497
	Brust	0.0253	0.0044	5.8100	0.1721
	Eierstock	0.0152	0.0312	0.4869	2.0537
10	Endokrines_Gewebe	0.0146	0.0163	0.8930	1.1198
	Gastrointestinal	0.0078	0.0048	1.6285	0.6141
	Gehirn	0.0170	0.0110	1.5482	0.6459
	Haematopoetisch	0.0056	0.0378	0.1478	6.7637
	Haut	0.0099	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch	0.0050	0.0065	0.7651	1.3069
	Herz	0.0106	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0050	0.0118	0.4214	2.3732
20	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0300	0.0571	17.5127
	Niere	0.0297	0.0205	1.4472	0.6910
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0180	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0048	0.0085	0.5593	1.7879
25	Uterus	0.0198	0.0142	1.3925	0.7181
	Brust-Hyperplasie	0.0327			
	Duenn darm	0.0125			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
30	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0026			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0154
	Gastrointestinal	0.0123
	Gehirn	0.0063
	Haematopoetisch	0.0079
40	Herz-Blutgefuesse	0.0123
	Lunge	0.0259
	Niere	0.0124
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0140

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
45	Brust	0.0136
	Eierstock-Uterus	0.0023
	Endokrines_Gewebe	0.0245
50	Foetal	0.0070
	Gastrointestinal	0.0122
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0065
55	Hoden	0.0156
	Lunge	0.0082
	Nerven	0.0141
	Prostata	0.0064
60	Sinnesorgane	0.0000



## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 69

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0120	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0030	0.0000	undef	0.0000
10	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0051	0.0033	1.5482	0.6459
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0037	0.0024	1.5801	0.6329
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
20	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0059	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Duendarm	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
40	Lunge	0.0000
	Niere	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0000
	Eierstock-Uterus	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0105
	Gastrointestinal	0.0000
55	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0100
60	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0077

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 71

5		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
10	Blase	0.0232	0.0051	4.5462	0.2200
	Brust	0.0173	0.0044	3.9753	0.2516
	Eierstock	0.0091	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0055	0.0163	0.3349	2.9861
	Gastrointestinal	0.0039	0.0048	0.8143	1.2281
15	Gehirn	0.0034	0.0131	0.2580	2.8754
	Haematopoetisch	0.0028	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0129	0.0000	undef
	Herz	0.0053	0.0000	undef	0.0000
20	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0062	0.0047	1.3168	0.7594
	Magen-Speiserohre	0.0097	0.0077	1.2599	0.7937
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0119	0.0000	undef	0.0000
25	Pankreas	0.0076	0.0166	0.4571	2.1876
	Penis	0.0150	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0071	0.0085	0.8390	1.1919
	Uterus	0.0165	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0073			
30	Duenndarm	0.0031			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0026			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0062			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0123			
	Lunge	0.0074			
	Niere	0.0000			
	Prostata	0.0000			
45	Sinnesorgane	0.0000			
50		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0068			
	Eierstock-Uterus	0.0091			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
55	Foetal	0.0064			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0065			
	Hoden	0.0156			
60	Lunge	0.0246			
	Nerven	0.0040			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0155			
65					

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 72

5		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
10	Blase	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Brust	0.0107	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0027	0.0000	undef
	Gastrointestinal	0.0078	0.0000	undef	0.0000
15	Gehirn	0.0017	0.0055	0.3096	3.2295
	Haematopoetisch	0.0028	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0129	0.0000	undef
	Herz	0.0042	0.0000	undef	0.0000
20	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0012	0.0024	0.5267	1.8986
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0153	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0089	0.0000	undef	0.0000
25	Pankreas	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0095	0.0043	2.2373	0.4470
	Uterus	0.0017	0.0071	0.2321	4.3088
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
30	Duendarm	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0092			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0039			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Prostata	0.0000			
45	Sinnesorgane	0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0068			
	Eierstock-Uterus	0.0068			
50	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0035			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0171			
	Haut-Muskel	0.0097			
55	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0030			
	Prostata	0.0128			
	Sinnesorgane	0.0000			
60					
65					

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 74

		NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N
5		Blase	0.0000	0.0026	0.0000	undef	undef
		Brust	0.0093	0.0000	undef	0.0000	0.0000
		Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef	undef
10		Endokrines_Gewebe	0.0018	0.0000	undef	0.0000	0.0000
		Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef	undef
		Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef	undef
		Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef	undef
		Haut	0.0000	0.0000	undef	undef	undef
15		Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef	undef
		Herz	0.0032	0.0000	undef	0.0000	0.0000
		Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef	undef
		Lunge	0.0000	0.0024	0.0000	undef	undef
		Magen-Speiserohre	0.0097	0.0000	undef	0.0000	0.0000
20		Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000	0.0000
		Niere	0.0000	0.0000	undef	undef	undef
		Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef	undef
		Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000	0.0000
		Prostata	0.0024	0.0000	undef	0.0000	0.0000
25		Uterus	0.0083	0.0000	undef	0.0000	0.0000
		Brust-Hyperplasie	0.0000				
		Duennndarm	0.0000				
		Prostata-Hyperplasie	0.0000				
		Samenblase	0.0089				
30		Sinnesorgane	0.0000				
		Weisse_Blutkoerperchen	0.0000				
FOETUS							
35		%Haeufigkeit					
		Entwicklung	0.0000				
		Gastrointestinal	0.0000				
		Gehirn	0.0000				
40		Haematopoetisch	0.0000				
		Herz-Blutgefuesse	0.0000				
		Lunge	0.0000				
		Niere	0.0000				
		Prostata	0.0000				
45		Sinnesorgane	0.0000				
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN							
%Haeufigkeit							
50		Brust	0.0000				
		Eierstock-Uterus	0.0114				
		Endokrines_Gewebe	0.0245				
		Foetal	0.0006				
55		Gastrointestinal	0.0122				
		Haematopoetisch	0.0000				
		Haut-Muskel	0.0000				
		Hoden	0.0000				
		Lunge	0.0000				
60		Nerven	0.0010				
		Prostata	0.0000				
		Sinnesorgane	0.0000				
65							

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 76

5		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
	Blase	0.0000	0.0153	0.0000	undef
	Brust	0.0080	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0030	0.0078	0.3895	2.5671
10	Endokrines_Gewebe	0.0036	0.0000	undef	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000	0.0190	0.0000	undef
	Gehirn	0.0017	0.0033	0.5161	1.9377
	Haematopoetisch	0.0056	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0117	0.0000	undef
	Lunge	0.0012	0.0024	0.5267	1.8986
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Muskel-Skelett	0.0069	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0024	0.0021	1.1186	0.8939
25	Uterus	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Duenn darm	0.0031			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0035			
		FOETUS			
35		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0031			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
40	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Prostata	0.0000			
45	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
50	Brust	0.0136			
	Eierstock-Uterus	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0735			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
55	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0010			
	Prostata	0.0000			
60	Sinnesorgane	0.0077			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 161

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0100	0.0136	0.7358	1.3590
	Blase	0.0195	0.0164	1.1854	0.8436
	Brust	0.0176	0.0042	4.1747	0.2395
	Dickdarm	0.0115	0.0142	0.8073	1.2386
	Duenndarm	0.0055	0.0213	0.2577	3.8812
10	Eierstock	0.0030	0.0095	0.3111	3.2146
	Endokrines_Gewebe	0.0048	0.0089	0.5432	1.8409
	Gehirn	0.0104	0.0120	0.8704	1.1489
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0063	0.0000	undef
15	Herz	0.0030	0.0137	0.2215	4.5144
	Hoden	0.0120	0.0116	1.0178	0.9825
	Lunge	0.0049	0.0055	0.8770	1.1402
	Magen-Speiserohre	0.0072	0.0128	0.5668	1.7644
	Muskel-Skelett	0.0154	0.0111	1.3917	0.7186
20	Niere	0.0045	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0017	0.0166	0.0997	10.0282
	Prostata	0.0075	0.0104	0.7235	1.3821
	T_Lymphom	0.0076	0.0448	0.1691	5.9152
	Uterus	0.0089	0.0138	0.6426	1.5563
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0096	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0094			
	Penis	0.0054			
	Samenblase	0.0141			
30	Sinnesorgane	0.0000			
FOETUS					
		%Haeufigkeit			
35	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0139			
	Gehirn	0.0313			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
40	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0072			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0371			
	Placenta	0.0061			
45	Prostata	0.0249			
	Sinnesorgane	0.0251			
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
		%Haeufigkeit			
50	Brust	0.0000			
	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0101			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0029			
	Gastrointestinal	0.0244			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
60	Hoden_n	0.0084			
	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0000			
	Lunge_t	0.0000			
	Nerven	0.0020			
65	Niere_t	0.0000			
	Ovar_Uterus	0.0090			
	Prostata_n	0.0121			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 162

		NORMAL	TUMOR	Vergleichenisse	
		%Häufigkeit	%Häufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0025	0.0000	undef	0.0000
	Blase	0.0078	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0123	0.0042	2.9223	0.3422
	Dickdarm	0.0096	0.0028	3.3639	0.2973
	Duendarm	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0032	0.0195	0.1646	6.0749
	Gehirn	0.0041	0.0040	1.0155	0.9848
	Haut	0.0110	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0080	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0039	0.0018	2.1049	0.4751
	Magen-Speiseröhre	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Muskel-Skelett	0.0051	0.0037	1.3917	0.7186
	Niere	0.0067	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0075	0.0026	2.8941	0.3455
	T_Lymphom	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus	0.0059	0.0276	0.2142	4.6688
25	Weisse_Blutkörperchen	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0013			
	Penis	0.0134			
	Samenblase	0.0070			
30	Sinnesorgane	0.0000			
FOETUS					
		%Häufigkeit			
35	Entwicklung	0.0139			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
40	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefäesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
45	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
		%Häufigkeit			
50	Brust	0.0000			
	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0017			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
60	Hoden_n	0.0000			
	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0000			
	Lunge_t	0.0000			
	Nerven	0.0040			
65	Niere_t	0.0000			
	Ovar_Uterus	0.0180			
	Prostata_n	0.0061			
	Sinnesorgane	0.0542			
	Weisse_Blutkörperchen	0.0000			







## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 165

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0000	0.0000	undef	undef
	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0106	0.0028	3.7573	0.2662
	Dickdarm	0.0000	0.0028	0.0000	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Eierstock	0.0000	0.0095	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0012	0.0010	1.1605	0.8617
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0010	0.0137	0.0738	13.5431
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0068	0.0018	3.6835	0.2715
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Muskel-Skelett	0.0034	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0045	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0033	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0019	0.0013	1.4470	0.6911
	T_Lymphom	0.0076	0.0000	undef	0.0000
	Uterus	0.0030	0.0046	0.6426	1.5563
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000			
	Penis	0.0027			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
FOETUS					
		%Haeufigkeit			
35	Entwicklung	0.0139			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
40	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
45	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
		%Haeufigkeit			
50	Brust	0.0000			
	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0051			
55	Endokrines_Gewebe	0.0245			
	Foetal	0.0070			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0065			
60	Hoden_n	0.0209			
	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0000			
	Lunge_t	0.0000			
	Nerven	0.0080			
65	Niere_t	0.0000			
	Ovar_Uterus	0.0090			
	Prostata_n	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0232			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			





## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 168

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0025	0.0000	undef	0.0000
	Blase	0.0000	0.0023	0.0000	undef
	Brust	0.0132	0.0000	undef	0.0000
	Dickdarm	0.0057	0.0000	undef	0.0000
	Duenn darm	0.0000	0.0107	0.0000	undef
10	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0016	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0006	0.0030	0.1934	5.1701
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0039	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0037	0.9278	1.0778
20	Niere	0.0045	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0047	0.0039	1.2059	0.8293
	T_Lymphom	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus	0.0044	0.0000	undef	0.0000
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0013			
	Penis	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30					
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
35	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
40	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0121			
45	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
50	Brust	0.0000			
	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0051			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0023			
	Gastrointestinal	0.0122			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
60	Hoden_n	0.0000			
	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0000			
	Lunge_t	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Niere_t	0.0000			
	Ovar_Uterus	0.0068			
	Prostata_n	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			



## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 170

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0025	0.0000	undef	0.0000
	Blase	0.0117	0.0141	0.8297	1.2052
	Brust	0.0194	0.0056	3.4442	0.2903
	Dickdarm	0.0057	0.0000	undef	0.0000
	Duenndarm	0.0055	0.0000	undef	0.0000
10	Eierstock	0.0000	0.0024	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0032	0.0018	1.8107	0.5523
	Gehirn	0.0069	0.0140	0.4974	2.0106
	Haut	0.0367	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0046	0.0000	undef	0.0000
15	Herz	0.0101	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0049	0.0055	0.8770	1.1402
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0103	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0134	0.0048	2.7855	0.3590
	Pankreas	0.0017	0.0055	0.2992	3.3427
	Prostata	0.0028	0.0013	2.1706	0.4607
	T_Lymphom	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus	0.0030	0.0000	undef	0.0000
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0199	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0040			
	Penis	0.0000			
	Samenblase	0.0141			
30	Sinnesorgane	0.0118			
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
35	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
40	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0072			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0121			
45	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0251			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
50	Brust	0.0000			
	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0051			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0065			
60	Hoden_n	0.0000			
	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0000			
	Lunge_t	0.0000			
	Nerven	0.0050			
65	Niere_t	0.0000			
	Ovar_Uterus	0.0023			
	Prostata_n	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 171

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0250	0.0000	undef	0.0000
	Blase	0.0546	0.0188	2.9041	0.3443
	Brust	0.0387	0.0056	6.8883	0.1452
	Dickdarm	0.0287	0.0000	undef	0.0000
	Duennndarm	0.0302	0.0107	2.8342	0.3528
10	Eierstock	0.0237	0.0024	9.9547	0.1005
	Endokrines_Gewebe	0.0112	0.0106	1.0563	0.9467
	Gehirn	0.0093	0.0060	1.5474	0.6463
	Haut	0.0220	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0046	0.0063	0.7324	1.3653
15	Herz	0.0304	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0161	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0175	0.0092	1.8944	0.5279
	Magen-Speiserohre	0.0145	0.0064	2.2671	0.4411
	Muskel-Skelett	0.0188	0.0074	2.5514	0.3919
20	Niere	0.0134	0.0048	2.7855	0.3590
	Pankreas	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0254	0.0221	1.1491	0.8702
	T_Lymphom	0.0025	0.0000	undef	0.0000
	Uterus	0.0414	0.0184	2.2490	0.4446
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0160			
	Penis	0.0724			
	Samenblase	0.0352			
30	Sinnesorgane	0.0118			
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
35	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0083			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0197			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0260			
40	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0181			
	Nebenniere	0.0254			
	Niere	0.0309			
	Placenta	0.0000			
45	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
50	Brust	0.0952			
	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0101			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0127			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
60	Hoden_n	0.0084			
	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0000			
	Lunge_t	0.0000			
	Nerven	0.0040			
65	Niere_t	0.0000			
	Ovar_Uterus	0.0203			
	Prostata_n	0.0243			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			



## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 172

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0000	0.0000	undef	undef
	Blase	0.0039	0.0023	1.6595	0.6026
	Brust	0.0176	0.0042	4.1747	0.2395
	Dickdarm	0.0038	0.0028	1.3456	0.7432
	Duendarm	0.0137	0.0107	1.2883	0.7762
10	Eierstock	0.0000	0.0048	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0090	0.0645	15.5103
	Haut	0.0072	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0081	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0029	0.0037	0.7893	1.2669
	Magen-Speiserohre	0.0072	0.0192	0.3778	2.6466
	Muskel-Skelett	0.0154	0.0037	4.1750	0.2395
20	Niere	0.0022	0.0048	0.4642	2.1540
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0132	0.0052	2.5323	0.3949
	T_Lymphom	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus	0.0030	0.0322	0.0918	10.8939
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000			
	Penis	0.0080			
	Samenblase	0.0141			
30	Sinnesorgane	0.0118			
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
35	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0063			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
40	Herz-Blutgefuesse	0.0071			
	Lunge	0.0181			
	Nebenniere	0.0254			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
45	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
50	Brust	0.0068			
	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0012			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
60	Hoden_n	0.0000			
	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0096			
	Lunge_t	0.0000			
	Nerven	0.0020			
65	Niere_t	0.0000			
	Ovar_Uterus	0.0068			
	Prostata_n	0.0121			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 173

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Blase	0.0000	0.0047	0.0000	undef
	Brust	0.0053	0.0014	3.7573	0.2662
	Dickdarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duenndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Eierstock	0.0089	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0089	0.0000	undef
	Gehirn	0.0006	0.0030	0.1934	5.1701
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0088	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0217	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0074	0.4639	2.1557
20	Niere	0.0022	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0017	0.0055	0.2992	3.3427
	Prostata	0.0047	0.0039	1.2059	0.8293
	T_Lymphom	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus	0.0030	0.0000	undef	0.0000
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0027			
	Penis	0.0054			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
	Entwicklung	0.0000
35	Gastrointestinal	0.0111
	Gehirn	0.0063
	Haematopoetisch	0.0079
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
40	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0036
	Nebenniere	0.0254
	Niere	0.0124
	Placenta	0.0000
45	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0126

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0204
	Brust_t	0.0000
	Dickdarm_t	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0203
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0097
60	Hoden_n	0.0042
	Hoden_t	0.0000
	Lunge_n	0.0000
	Lunge_t	0.0000
	Nerven	0.0030
65	Niere_t	0.0000
	Ovar_Uterus	0.0090
	Prostata_n	0.0061
	Sinnesorgane	0.0000
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 174

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0100	0.0136	0.7358	1.3590
	Blase	0.0078	0.0070	1.1063	0.9039
	Brust	0.0114	0.0028	4.0704	0.2457
	Dickdarm	0.0077	0.0057	1.3456	0.7432
	Duennndarm	0.0082	0.0213	0.3865	2.5875
10	Eierstock	0.0000	0.0072	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0032	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0017	0.0090	0.1934	5.1701
	Haut	0.0073	0.0394	0.1862	5.3697
	Hepatisch	0.0093	0.0063	1.4649	0.6826
15	Herz	0.0010	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0107	0.0092	1.1577	0.8638
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0377	0.0037	10.2055	0.0980
20	Niere	0.0000	0.0096	0.0000	undef
	Pankreas	0.0000	0.0110	0.0000	undef
	Prostata	0.0028	0.0026	1.0853	0.9214
	T_Lymphom	0.0051	0.0075	0.6762	1.4788
	Uterus	0.0030	0.0046	0.6426	1.5563
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0164	0.0304	0.5410	1.8483
	Haematopoetisch	0.0094			
	Penis	0.0027			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0118			
FOETUS					
		%Haeufigkeit			
35	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
40	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0000			
45	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
		%Haeufigkeit			
50	Brust	0.0000			
	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0152			
55	Endokrines_Gewebe	0.0735			
	Foetal	0.0151			
	Gastrointestinal	0.0366			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
60	Hoden_n	0.0000			
	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0000			
	Lunge_t	0.0000			
	Nerven	0.0010			
65	Niere_t	0.0000			
	Ovar_Uterus	0.0225			
	Prostata_n	0.0061			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			



## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 176

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0025	0.0000	undef	0.0000
	Blase	0.0078	0.0047	1.6595	0.6026
	Brust	0.0202	0.0028	7.2014	0.1389
	Dickdarm	0.0057	0.0142	0.4037	2.4773
	Duendarm	0.0110	0.0000	undef	0.0000
10	Eierstock	0.0030	0.0072	0.4148	2.4109
	Endokrines_Gewebe	0.0064	0.0035	1.8107	0.5523
	Gehirn	0.0058	0.0020	2.9013	0.3447
	Haut	0.0147	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0063	0.0000	undef
15	Herz	0.0081	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0040	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0068	0.0055	1.2278	0.8144
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0064	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0037	0.4639	2.1557
20	Niere	0.0022	0.0048	0.4642	2.1540
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0028	0.0026	1.0853	0.9214
	T_Lymphom	0.0025	0.0000	undef	0.0000
	Uterus	0.0030	0.0000	undef	0.0000
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0027			
	Penis	0.0054			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0235			
FOETUS					
		%Haeufigkeit			
35	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0056			
	Gehirn	0.0063			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
40	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0072			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
45	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
		%Haeufigkeit			
50	Brust	0.0068			
	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0101			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0058			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
60	Hoden_n	0.0000			
	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0000			
	Lunge_t	0.0000			
	Nerven	0.0020			
65	Niere_t	0.0000			
	Ovar_Uterus	0.0135			
	Prostata_n	0.0061			
	Sinnesorgane	0.0155			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 177

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Blase	0.0000	0.0023	0.0000	undef
	Brust	0.0079	0.0014	5.6359	0.1774
	Dickdarm	0.0096	0.0000	undef	0.0000
	Duenndarm	0.0000	0.0107	0.0000	undef
10	Eierstock	0.0000	0.0024	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0016	0.0089	0.1811	5.5227
	Gehirn	0.0023	0.0050	0.4642	2.1542
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0127	0.0000	undef
15	Herz	0.0030	0.0137	0.2215	4.5144
	Hoden	0.0040	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0019	0.0018	1.0524	0.9502
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0128	0.0000	undef
20	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0045	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0033	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0066	0.0026	2.5323	0.3949
	T_Lymphom	0.0025	0.0000	undef	0.0000
	Uterus	0.0015	0.0046	0.3213	3.1125
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0034	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0040			
	Penis	0.0080			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
FOETUS					
		%Haeufigkeit			
35	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0083			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
40	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0036			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0000			
45	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
		%Haeufigkeit			
50	Brust	0.0068			
	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0041			
	Gastrointestinal	0.0122			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0097			
60	Hoden_n	0.0000			
	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0098			
	Lunge_t	0.0000			
	Nerven	0.0040			
65	Niere_t	0.0000			
	Ovar_Uterus	0.0090			
	Prostata_n	0.0061			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 178

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0000	0.0000	undef	undef
	Blase	0.0078	0.0258	0.3017	3.3143
	Brust	0.0070	0.0042	1.6699	0.5988
	Dickdarm	0.0172	0.0114	1.5138	0.6606
	Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Eierstock	0.0000	0.0167	0.0000	undef
	Endokrines Gewebe	0.0080	0.0018	4.5268	0.2209
	Gehirn	0.0041	0.0080	0.5077	1.9696
	Haut	0.0147	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0046	0.0190	0.2441	4.0959
15	Herz	0.0112	0.0137	0.8122	1.2312
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0214	0.0240	0.8905	1.1229
	Magen-Speiserohre	0.0362	0.0192	1.8892	0.5293
	Muskel-Skelett	0.0137	0.0074	1.8555	0.5389
20	Niere	0.0000	0.0048	0.0000	undef
	Pankreas	0.0116	0.0166	0.6980	1.4326
	Prostata	0.0104	0.0182	0.5685	1.7591
	T_Lymphom	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Uterus	0.0044	0.0046	0.9638	1.0375
25	Weisse Blutkoerperchen	0.0055	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0053			
	Penis	0.0107			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0235			
30					
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
35	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0111			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
40	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0108			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0242			
45	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
50	Brust	0.0340			
	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0101			
55	Endokrines Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0081			
	Gastrointestinal	0.0366			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0194			
60	Hoden_n	0.0000			
	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0293			
	Lunge_t	0.0000			
	Nerven	0.0030			
65	Niere_t	0.0000			
	Ovar_Uterus	0.0045			
	Prostata_n	0.0061			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse Blutkoerperchen	0.0000			

## 2.2 Fisher-Test

5

Um zu entscheiden, ob eine Partial-Sequenz  $S$  eines Gens in einer Bibliothek für Normal-Gewebe signifikant häufiger oder seltener vorkommt als in einer Bibliothek für entartetes Gewebe, wird Fishers Exakter Test, ein statistisches Standardverfahren (Hays, W. L., (1991) Statistics, Harcourt Brace College Publishers, Fort Worth), durchgeführt.

10

Die Null-Hypothese lautet: die beiden Bibliotheken können bezüglich der Häufigkeit zu  $S$  homologer Sequenzen nicht unterschieden werden. Falls die Null-Hypothese mit hinreichend hoher Sicherheit abgelehnt werden kann, wird das zu  $S$  gehörende Gen als interessanter Kandidat für ein Krebs-Gen akzeptiert, und es wird im nächsten Schritt versucht, eine Verlängerung seiner Sequenz zu erreichen.

15

20

### Beispiel 3

## 25 Automatische Verlängerung der Partial-Sequenz

Die automatische Verlängerung der Partial-Sequenz  $S$  vollzieht sich in drei Schritten:

30

1. Ermittlung aller zu  $S$  homologen Sequenzen aus der Gesamtmenge der zur Verfügung stehenden Sequenzen mit Hilfe von BLAST

2. Assemblierung dieser Sequenzen mittels des Standardprogramms GAP4 (Bonfield, J. K., Smith, K. F., und Staden R. (1995), Nucleic Acids Research 23 4992-4999) (Contig-Bildung).

35

3. Berechnung einer Konsens-Sequenz  $C$  aus den assemblierten Sequenzen

40

Die Konsens-Sequenz  $C$  wird im allgemeinen länger sein als die Ausgangssequenz  $S$ . Ihr elektronischer Northern-Blot wird demzufolge von dem für  $S$  abweichen. Ein erneuter Fisher-Test entscheidet, ob die Alternativ-Hypothese der Abweichung von einer gleichmäßigen Expression in beiden Bibliotheken aufrechterhalten werden kann. Ist dies der Fall, wird versucht,  $C$  in gleicher Weise wie  $S$  zu verlängern. Diese Iteration wird mit der jeweils erhaltenen Konsensus-Sequenzen  $C_i$  ( $i$ : Index der Iteration) fortgesetzt, bis die Alternativ-Hypothese verworfen wird (if  $H_0$  Exit; Abbruchkriterium I) oder bis keine automatische Verlängerung mehr möglich ist (while  $C_i > C_{i-1}$ ; Abbruchkriterium II).

45

50

Im Fall des Abbruchkriteriums II bekommt man mit der nach der letzten Iteration vorliegenden Konsens-Sequenz eine komplette oder annähernd komplette Sequenz



eines Gens, das mit hoher statistischer Sicherheit mit Krebs in Zusammenhang gebracht werden kann.

- 5 Analog der oben beschriebenen Beispiele konnten die in der Tabelle I beschriebenen Nukleinsäure-Sequenzen aus Brustgewebe gefunden werden.

- 10 Ferner konnten zu den einzelnen Nukleinsäure-Sequenzen die Peptidsequenzen (ORF's) bestimmt werden, die in der Tabelle II aufgelistet sind, wobei wenigen Nukleinsäure-Sequenzen kein Peptid zugeordnet werden kann und einigen Nukleinsäure-Sequenzen mehr als ein Peptid zugeordnet werden kann. Wie bereits oben erwähnt, sind sowohl die ermittelten Nukleinsäure-Sequenzen, als auch die den Nukleinsäure-Sequenzen zugeordneten Peptid-Sequenzen Gegenstand der vorliegenden Erfindung.

15

#### Beispiel 4

20

#### Kartierung der Nukleinsäure-Sequenzen auf dem humanen Genom

- 25 Die Kartierung der humanen Gene erfolgte unter Verwendung des Stanford G3 Hybrid-Panels (Stewart et al., 1997), der von Research Genetics, Huntsville, Alabama vertrieben wird. Dieses Panel besteht aus 83 verschiedenen genomischen DNAs von Mensch-Hamster Hybridzelllinien und erlaubt eine Auflösung von 500 Kilobasen. Die Hybridzelllinien wurden durch Fusion von bestrahlten diploiden menschlichen Zellen mit Zellen des Chinesischen Hamsters gewonnen. Das Rückhaltemuster der humanen Chromosomenfragmente wird mittels genspezifischer Primer in einer Polymerase-Kettenreaktion bestimmt und mit Hilfe der vom Stanford RH Server verfügbaren Software analysiert ([http://www.stanford.edu/RH/rhserver\\_form2.html](http://www.stanford.edu/RH/rhserver_form2.html)). Dieses Programm bestimmt den STS-Marker, der am nächsten zum gesuchten Gen liegt. Die entsprechende zytogenetische Bande wurde unter Verwendung des "Mapview"-Programms der Genome Database (GDB),
- 30 (<http://gdbwww.dkfz-heidelberg.de>) bestimmt.

- 35 Neben dem kartieren von Genen auf dem menschlichen Chromosomensatz durch verschiedene experimentelle Methoden ist es möglich die Lage von Genen auf diesem durch bioinformatische Methoden zu bestimmen. Dazu wurde das bekannte Programm e-PCR eingesetzt (Schuler GD (1998) Electronic PCR: bridging the gap between genome mapping and genome sequencing. Trends Biotechnol 16; 456-459, Schuler GD (1997). Sequence mapping by electronic PCR. Genome Res 7; 541-550). Die dabei eingesetzte Datenbank entspricht nicht mehr der in der Literatur angegebenen, sondern ist eine Weiterentwicklung, welche Daten der öffentlichen Datenbank RHdb (<http://www.ebi.ac.uk/RHdb/index.html>) einschließt. Analog zu der
- 40 Kartierung durch die Hybrid-Panels erfolgte eine Auswertung der Ergebnisse mit der obengenannten Software und der Software des Whitehead-Institutes (<http://carbon.wi.mit.edu:8000/cgi-bin/contig/rhmapper.pl>).
- 45

### Beispiel 5: Gewinnung von genomischen DNA-Sequenzen (BAC-Klonen)

5

Die den differentiellen cDNAs entsprechenden genomischen Sequenzen wurden aus kommerziellen BAC-Bibliotheken isoliert. Verwendet wurden BAC-Bibliotheken von der Firma Genome Systems, St. Louis MO, die aus humanen Lymphozyten hergestellt wurden (<http://www.genomesystems.com>) und solche der Firma Research Genetics, die wie folgt beschrieben wurden: Shizuya, H., B. Birren, U.-J. Kim, V. Mancino, T. Slepak, Y. Tachiiri, M. Simon (1992) Proc. Natl. Acad. Sci., USA 89: 8794-8797; <http://www.tree.caltech.edu/>. Aus diesen Bibliotheken wurden die BAC-Klone mit der Prozedur des "down-to-the-well" isoliert. Bei diesem Verfahren wird eine Bibliothek bestehend aus BAC-Klonen (die Bibliothek überdeckt ca. 3 x das humane Genom) in verschiedene Gruppen (pools) kombiniert. Dies geschieht in einer solchen Weise, daß nach der Durchführung einer genspezifischen PCR in den verschiedenen Pools eine eindeutige Klon-Zuordnung möglich ist. Diese Adresse zusammen mit dem Namen der verwendeten Bibliothek legen die Klonen und damit die DNA-Sequenz dieser Klone eindeutig fest. Die nachfolgenden Beispiele erläutern die erfolgreiche Isolierung der genomischen BAC-Klone ohne diese darauf zu beschränken.

Die verwendete Bibliotheken von Genome Systems waren CITB B und CITB C. Klone aus der Bibliothek von Research Genetics sind unterstrichen.

Brust Normal

30

Seq. ID Nr.	Identifizierte BACs				
4	174/F/16				
12	388/D/5	393/M/24	494/B/3	502/B/23	
13	203/A/1	233/B/22	392/L/10	311/J/7	
15	<u>248/C/14</u>	<u>266/E/16</u>	<u>528/D/3</u>	<u>266/E/17</u>	<u>506/P/12</u>
19	<u>113/G/13</u>	191/B/19	202/O/3	250/O/19	
21	137/H/19	231/I/10			
22	165/N/5	208/D/7			
26	6/L/15	11/I/17	117/E/15		
28	<u>501/L/21</u>	<u>367/D/6</u>			
31	<u>369/H/21</u>	<u>429/I/13</u>			
34	108/M/13				
37	289/C/11				
42	59/A/20				
43	<u>325/J/11</u>	<u>448/O/2</u>	<u>563/F/18</u>		
57	4/G/9				
58	229/O/21	233/F/12			
59	97/P/23	109/A/1	125/H/9		

60	<u>503/P/21</u>		
61	<u>3/P/21</u>	188/B/9	
63	176/A/22		
69	425/E/10		
71	178/I/19	242/B/6	242/B/11

TABELLE I

lfd. Nr.	Expression	Funktion	Module	Chromosomale Lokalisation	nächste Marker	Länge EST (bp)	Länge der angemeldeten Sequenz (bp)
1	im normalen Brustgewebe erhöht	Ein neuer humaner Prä-mRNA Spleiß-Faktor, der zur einer Genfamilie mit TPR (Tetratricopeptid repeats)-Motiv gehört.	"TPR"-Region	unbekannt	unbekannt	205	2031
2	im normalen Brustgewebe erhöht	unbekannt		3q29	zwischen D3S1265 und D3S1311	248	1081
3	im normalen Brustgewebe erhöht	Das humane Homolog des Perilipin A aus Ratte.		15q26.1-qter	SHGC-6068; zwischen WI-7918 und SHGC-14718	247	1318
4	im normalen Brustgewebe erhöht	unbekannt		Xq24	SHGC-14021 alias DXS9764	256	731
5	im normalen Brustgewebe erhöht	unbekannt		15q26.1-qter	D15S120-15qter	237	2719
10	im normalen Brustgewebe erhöht	Ein humanes Ortholog des fsp-27 (Fett-spezifisches Protein 27) der Maus.		3p24.3-p25.1	zwischen D3S1597 und D3S1263	310	1107
11	im normalen Brustgewebe erhöht	unbekannt		17q22-q23.2	SHGC-32689; zwischen D17S787 und D17S792	239	1062
12	im normalen Brustgewebe erhöht	unbekannt		2q34	SHGC-3316; zwischen D2S315 und D2S2237	241	1471

lfd. Nr.	Expression	Funktion	Module	Chromosomale Lokalisation	nächste Marker	Länge EST (bp)	Länge der angemeldeten Sequenz (bp)
13	im normalen Brustgewebe erhöht	Das humane LOT1 (Lost On Transformation 1).	"ZINC_FINGER_C2H2"-Domäne	6q23.3-q24.3	zwischen D6S308 und D6S978	214	2738
14	im normalen Brustgewebe erhöht	Das humane SGN3 (die Untereinheit 3 eines JAB1 enthaltenden Signalosoms).	"PCI_DOMAIN"	17p12-q11.2	sts-W80395; zwischen D17S922 und D17S798	225	1710
15	im normalen Brustgewebe erhöht	Ein neues Zinkfinger-Protein des LIM-Typs.	"LIM"-Domäne	4p14	SHGC4-435; zwischen SHGC-259 und SHGC-33782	228	3159
16	im normalen Brustgewebe erhöht	Der humane nukleärer Faktor I-B2 (NFI-B2).		unbekannt	unbekannt	249	1680
18	im normalen Brustgewebe erhöht	Das humane Dermato-pontin.		1q12-q23	unbekannt	188	1722
19	im normalen Brustgewebe erhöht	unbekannt		1p22.1-p22.2	SHGC-34523	287	1612
21	im normalen Brustgewebe erhöht	unbekannt		11q14.1	SHGC-32865; zwischen SHGC-3911 und SHGC-36303	248	1304

lfd. Nr.	Expression	Funktion	Module	Chromosomale Lokalisation	nächste Marker	Länge EST (bp)	Länge der angemeldeten Sequenz (bp)
22	im normalen Brustgewebe erhöht	Diese Sequenz ist verwandt mit der schweren Kette H3 des humanen Inter-alpha-Trypsin Inhibitors. Dieser spielt möglicherweise eine Rolle bei der Stabilisierung der extrazellulären Matrix.		10p15.1-p15.3	SHGC-16603; zwischen SHGC-16603 und SHGC-33903	288	1533
23	im normalen Brustgewebe erhöht	unbekannt		11q14.2-q14.3	zwischen D11S1354 und D11S931	204	1304
24	im normalen Brustgewebe erhöht	unbekannt		10p15.1-p15.3	zwischen D10S591 und D10S189	291	2403
25	im normalen Brustgewebe erhöht	unbekannt		2q35	AFM249wg9; zwischen CHLC.GATA29E02 und WI-7744	286	2517
26	im normalen Brustgewebe erhöht	Die pi-Untereinheit des humanen GABA-A Rezeptors.	"neur_cha n"-Domäne	5q34	AFM304xd5; zwischen AFM080xh11 und SHGC-5539	268	1668
28	im normalen Brustgewebe erhöht	Diese Sequenz ist möglicherweise das Ortholog des Neuronalen Membran Protein 35 (NMP35) der Ratte.	"UPF0005" -Domäne	2q35	SHGC-35278; zwischen D2S164 und D2S163	244	1768

Ikd. Nr.	Expression	Funktion	Module	Chromosomale Lokalisation	nächste Marker	Länge EST (bp)	Länge der angemeldeten Sequenz (bp)
29	im normalen Brustgewebe erhöht	Das humane $\beta$ -Spectrin.	"PH"-Domäne und "Spectrin"-Domäne	2p16.1-16.3	zwischen D2S123 und D2S378	247	3479
30	im normalen Brustgewebe erhöht	unbekannt		7p21.2-p21.3	SHGC-35668; zwischen D7S714 und D7S2564	88	933
31	im normalen Brustgewebe erhöht	Diese Sequenz stellt wahrscheinlich das humane Ortholog des "SRD-2 mutant sterol regulatory element binding protein-2 (SREBP-2)" des Hamsters dar.	"LM"-Domäne	12p11.21-q13.11	zwischen D12S1648 und D12S1620	269	2783
32	im normalen Brustgewebe erhöht	Das humane Protein Kinase A Anker-Protein; es bindet die regulatorische Untereinheit (RII) der Protein-Kinase A.	"KH"-Domäne und "TUDOR"-Domäne	17q22	zwischen D17S790 und D17S794	265	3411
33	im normalen Brustgewebe erhöht	Das humane Mi-2 Autoantigen, es handelt sich hierbei vermutlich um eine Helicase, die die Transkription aktiviert.		12p12.3-p13.33	zwischen D12S93 und D12S77	244	1393
34	im normalen Brustgewebe erhöht	unbekannt		10q25.1	SHGC-14061; zwischen ATC3 und AFMa273ye1	258	1236
35	im normalen Brustgewebe erhöht	Das humane "obese protein" (ob).		7q31.3	zwischen D7S686 und D7S530	237	749

I fd. Nr.	Expression	Funktion	Module	Chromosomale Lokalisation	nächste Marker	Länge EST (bp)	Länge der angemeldeten Sequenz (bp)
36	im normalen Brustgewebe erhöht	Das humane Duffy-Antigen (DARC-Gen).		1q22	zwischen D1S484 und D1S426	271	1251
37	im normalen Brustgewebe erhöht	Dieses Protein hat eine ca. 50%ige Aminosäure-Identität zu S3-12, einem Plasma Membran-assoziiertem Protein, das während der Fettzellen-Differenzierung exprimiert wird.		unbekannt	unbekannt	199	3283
38	im normalen Brustgewebe erhöht	Das humane Semaphorin E; es vermittelt möglicherweise zelluläre Resistenz gegen cis-Platinum (CDDP), einer in der Chemotherapie häufig verwendeten Substanz.		7q11.23-q21.13	stSG30323; zwischen D7S660 und D7S524	240	2720
39	im normalen Brustgewebe erhöht	Das humane alpha-B-Crystallin-Gen, ursprünglich als linsen-spezifisches Gen kloniert, scheint im Endometrium durch Progesteron und Östrogen reguliert zu werden. Die Expression korreliert mit der Nicht-proliferativen Phase des Menstruationszyklus.	"crystallin"-Domäne und "HSP20"-Domäne	11q23.1-q23.2	zwischen D11S1893 und D11S938	247	1036
40	im normalen Brustgewebe erhöht	Das humane extrazelluläres Protein S1-5.	"EGF_CA"-Domäne	2p11.1-12	zwischen D2S2371 und D2S388	265	2659
41	im normalen Brustgewebe erhöht	Die humane Lipoprotein-Lipase.	"Lipase"-Domäne	8p22-p23.1	zwischen D8S261 und D8S258	252	2939



Lfd. Nr.	Expression	Funktion	Module	Chromosomale Lokalisation	nächste Marker	Länge EST (bp)	Länge der angemeldeten Sequenz (bp)
42	im normalen Brustgewebe erhöht	Das humane sFRP ("secreted frizzled-related protein") spielt eine Rolle beim programmierten Zelltod (Apoptosis).		8p11.21-p12	zwischen D8S1791 und D8S268	404	3670
43	im normalen Brustgewebe erhöht	unbekannt		10q23.32-q25.1	WI-14063	259	1025
45	im normalen Brustgewebe erhöht	Diese Sequenz ist wahrscheinlich das humane Ortholog eines Fettzellen-spezifischen Gens der Maus.		unbekannt	unbekannt	328	538
47	im normalen Brustgewebe erhöht	Die humane Plazenta "copper monamine oxidase".		17q12	SHGC-3147	256	360
48	im normalen Brustgewebe erhöht	unbekannt	"HSP20"-Domäne	1p36.13-p36.23	zwischen D1S434 und D1S507	157	2192
49	im normalen Brustgewebe erhöht	Das humane "ras-like protein".	"ras"-Domäne	2p16.3-p21	zwischen D2S391 und D2S123	305	2952
50	im normalen Brustgewebe erhöht	unbekannt		7p12.1-p12.3	zwischen D7S506 und D7S659	188	615
51	im normalen Brustgewebe erhöht	unbekannt		11q12.1-q13.1	SHGC-35409; WI-7266 - D11S2006	290	1488
53	im normalen Brustgewebe erhöht	Das YAP (Yes-associated protein); es bindet an SH3-Domänen.		11q21.1-q22.3	D11S1339	289	2262

Lfd. Nr.	Expression	Funktion	Module	Chromosomale Lokalisation	nächste Marker	Länge EST (bp)	Länge der angemeldeten Sequenz (bp)
54	im normalen Brustgewebe erhöht	Das humane B4-2 Protein.		6q16.2	SHGC-31472	306	1301
56	im normalen Brustgewebe erhöht	Die humane "Lange Ketten Acyl-CoA Synthetase".		4q33-q35.2	zwischen D4S408 und D4S426	269	1265
57	im normalen Brustgewebe erhöht	Das "Prepro-Melanin-konzentrierende Hormon (prepro-melanin-concentrating hormone)".		12q22	AFM263ZD1; zwischen SHGC-15767 und SHGC-9350	247	274
58	im normalen Brustgewebe erhöht	unbekannt		2q22.3-2q23.2	SHGC-36777	270	2073
59	im normalen Brustgewebe erhöht	Ein mögliches neues Mitglied der humanen tob-Genfamilie.		21q11.1-q21.1	SHGC-11705; zwischen D21S1886 und D21S1256	205	850
60	im normalen Brustgewebe erhöht	unbekannt		1q22	SHGC-36663; zwischen SGC32839 und D1S1576	229	2091
61	im normalen Brustgewebe erhöht	Das humane Ortholog zum Kryn-Gen der Maus.	"SH3"-Domäne	4q31.3	SHGC-31182	225	2952
62	im normalen Brustgewebe erhöht	unbekannt		11p15.3	AFM166zel; zwischen SHGC-5993 und SHGC-13819	223	2313

Lfd. Nr.	Expression	Funktion	Module	Chromosomale Lokalisation	nächste Marker	Länge EST (bp)	Länge der angemeldeten Sequenz (bp)
63	im normalen Brustgewebe erhöht	unbekannt		2q24.1-q24.3	SHGC-1305; zwischen CHLC.GATA22H09 und WI-7620	192	1650
64	im normalen Brustgewebe erhöht	Das humane Ortholog zur UMP-CMP Kinase des Schweins.	"Adenylate -kinase"	1p32.3-p36.12	SHGC-36697; zwischen D1S2843 und D1S417	223	2851
65	im normalen Brustgewebe erhöht	unbekannt		4p15.1	WI-15951; zwischen D4S1043 und SHGC-16179	221	1071
66	im normalen Brustgewebe erhöht	Die humane cAMP Phosphodiesterase.	"PDEase"	8q13.1	CHLC.GATA86D08; zwischen SHGC-9281 und AFMa084wc5	199	2375
67	im normalen Brustgewebe erhöht	Das humane Antigen CD 36.	"CD36"- Domäne	7q11.23	sWSS1455	221	1823
68	im normalen Brustgewebe erhöht	Vermutlich ein humanes Ortholog des Hefe S. pombe sad1+ Gens.		7p22.3	SHGC-34866; zwischen SHGC-10715 und SHGC-32510	248	2403
69	im normalen Brustgewebe erhöht	unbekannt		5p15.33	zwischen D5S477 und D5S426	230	1246
71	im normalen Brustgewebe erhöht	Ein neues humanes Protein, das eine SH3-Domäne enthält. Diese Proteine sind Mediatoren der interzellulären Zellkommunikation.		8p21.3	SHGC-30970	263	1950

Lfd. Nr.	Expression	Funktion	Module	Chromosomale Lokalisation	nächste Marker	Länge EST (bp)	Länge der angemeldeten Sequenz (bp)
72	im normalen Brustgewebe erhöht	Ein neues humanes Gen, das möglicherweise einen Transkriptionsfaktor darstellt; auf Nukleinsäure-Ebene besteht eine gewisse Sequenzidentität zu dem DNA-bindenden Protein CROC-1A.		7q21.11-q22.1	R06442; zwischen D7S524 und D7S657	240	814
74	im normalen Brustgewebe erhöht	Vermutlich das humane Ortholog des Maus Sox-18. Die Sox-Proteine stellen eine wichtige Gruppe von Transkriptionsfaktoren dar, die Entwicklungsprozesse steuern. Sox-Gene weisen eine sog. HMG-Box ("high mobility group") auf. Maus-Sox 18 ist verwandt mit Sry ("testis-determining factor") des Menschen.		unbekannt	unbekannt	264	747
76	im normalen Brustgewebe erhöht	unbekannt		17p13.3-q25.3	AFM163yg1	296	2419

Lfd. Nr.	Expression	Funktion	Module	Chromosomale Lokalisation	nächste Marker	Länge EST (bp)	Länge der angemeldeten Sequenz (bp)
161	im normalen Brustgewebe erhöht	Verlängerung zu Seq. ID Nr.1	"RGS"-Domäne; "ATP-synt_B"-Domäne; "TPR_Region TPR_repeat"; "NLS_BP Bipartite nuclear localization signal"	unbekannt	unbekannt	205	3096
162	im normalen Brustgewebe erhöht	Verlängerung zu Seq. ID Nr.4	"CNH"-Domäne; "NLS_BP Bipartite nuclear localization signal"	Xq24	SHGC-14021 alias DXS9764	256	1987
163	im normalen Brustgewebe erhöht	Verlängerung zu Seq. ID Nr.10		3p24.3-p25.1	zwischen D3S1597 und D3S1263	310	1107
164	im normalen Brustgewebe erhöht	Verlängerung zu Seq. ID Nr.11	"TK"-Domäne	17q22-q23.2	SHGC-32689; zwischen D17S787 und D17S792	239	1062
165	im normalen Brustgewebe erhöht	Verlängerung zu Seq. ID Nr.12	"Polyoma_coat2"-Domäne	2q34	SHGC-3316; zwischen D2S315 und D2S2237	241	2770

Lfd. Nr.	Expression	Funktion	Module	Chromosomale Lokalisation	nächste Marker	Länge EST (bp)	Länge der angemeldeten Sequenz (bp)
166	im normalen Brustgewebe erhöht	Verlängerung zu Seq. ID Nr.15	LIM; Ran_BP1; NLS_BP Bipartite nuclear localization signal	4p14	SHGC-435; zwischen SHGC-259 und SHGC-33782	228	4242
167	im normalen Brustgewebe erhöht	Verlängerung zu Seq. ID Nr.19	"UPF0024"-Domäne	1p22.1-p22.2	SHGC-34523	287	2640
168	im normalen Brustgewebe erhöht	Verlängerung zu Seq. ID Nr.22		10p15.1-p15.3	SHGC-16603; zwischen SHGC-16603 und SHGC-33903	288	1558
169	im normalen Brustgewebe erhöht	Verlängerung zu Seq. ID Nr.23		11q14.2-q14.3	zwischen D11S1354 und D11S931	204	1388
170	im normalen Brustgewebe erhöht	Verlängerung zu Seq. ID Nr.24	"ribonuclease_T2"-Domäne	10p15.1-p15.3	zwischen D10S591 und D10S189	291	2416
171	im normalen Brustgewebe erhöht	Verlängerung zu Seq. ID Nr.25	"TK"-Domäne	2q35	AFM249wg9; zwischen CHLC.GATA29E02 und WI-7744	286	2720
172	im normalen Brustgewebe erhöht	Verlängerung zu Seq. ID Nr.38	"ig"-Domäne	7q11.23-q21.13	stSG30323; zwischen D7S660 und D7S524	240	2987
173	im normalen Brustgewebe erhöht	Verlängerung zu Seq. ID Nr.50		7p12.1-p12.3	zwischen D7S506 und D7S659	188	892

Lfd. Nr.	Expression	Funktion	Module	Chromosomale Lokalisation	nächste Marker	Länge EST (bp)	Länge der angemeldeten Sequenz (bp)
174	im normalen Brustgewebe erhöht	Verlängerung zu Seq. ID Nr. 51	"NLS_BP Bipartite nuclear localization signal"	11q12.1-q13.1	SHGC-35409; zwischen WI-7266 und D11S2006	290	1679
175	im normalen Brustgewebe erhöht	Verlängerung zu Seq. ID Nr. 60	"NLS_BP Bipartite nuclear localization signal"	1q22	SHGC-36663; zwischen SGC32839 und D1S1576	229	2411
176	im normalen Brustgewebe erhöht	Verlängerung zu Seq. ID Nr. 61	"SH3"-Domäne; "IL-6"-Domäne; "toxin_2"-Domäne	4q31.3	SHGC-31182	225	3450
177	im normalen Brustgewebe erhöht	Verlängerung zu Seq. ID Nr. 72		7q21.11-q22.1	R06442; zwischen D7S524 und D7S657	240	874
178	im normalen Brustgewebe erhöht	unbekannt	"PH"-Domäne	9q34.11-q34.12	stSG3880; zwischen D9S1821 und D9S159	242	3265

## TABELLE II

## DNA-Sequenzen

## Seq. ID. No.

1

2

3

4

5

10

11

12

13

14

15

18

19

21

22

23

24

25

28

## Peptid-Sequenzen

## Seq. ID. No.

77

78

79

80

81

82

83

84

85

87

88

89

90

91

92

93

95

96

97

98

99

100

101

102

103

104



**DNA-Sequenzen**

Seq. ID. No.

30

31

34

37

42

43

45

48

50

51

53

54

57

58

59

60

61

62

63

64

65

68

69

71

72

74

76

**Peptid-Sequenzen**

Seq. ID. No

105

106

107

108

112

113

114

115

116

117

119

122

124

125

126

128

129

131

132

133

135

137

138

139

140

141

142

143

144

145

146

147

148

149

150

151

152

153

154

155

156

157

158

159

160

**DNA-Sequenzen****Seq. ID. No.**

161

162

163

164

165

166

167

168

169

170

171

172

173

174

175

176

177

178

**Peptid-Sequenzen****Seq. ID. No**

179

180

181

182

183

184

185

186

187

188

189

190

191

192

193

194

195

196

197

198

199

200

201

202

203

204

205

206

207

208

209

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:1

```
ATTGCATCAG CCCGCTGGA AGAAGTCACT GGGGAAGCTAC AAGTAGCTCG GAACCTTATC 50
ATGAGGGGGA CGGAGATGTG CCCCAGAGT GAAGATGTCT GGCTGGAAGC AGCCAGGTTG 120
CAGCCTGGGG ACACAGCCAA GGCCGTGGTA GCCCAAGCTG TCCGTCTCTT CCCACAGTCT 180
GTCAGGATTT ACATCAGAGC CGCAGAGCTG GAAACGGACA TTCGTGCAAA GAAGCGGGTT 240
CTTCGGAAAG CCCTCGAGCA GTTCCAAAC TCGGTTTCGCT TGTGGAAAGC AGCCGTTGAG 300
CTGGAAGAAC CTGAAGATGC TAGAATCATG CTGAGCCGAG CTGTGGAGTG CTGCCCCACC 360
AGCGTGGAGC TCTGGCTTGC TCTGGCAAGG CTGGAGACCT ATGAAAATGC CCGCAAGGTC 420
TTGAACAAGG CGCGGGAGAA CATTCTACA GACCGACATA TCTGGATCAC GGCTGCTAAG 480
CTGGAGGAAG CCAATGGGAA CACGCAGATG GTGGAGAAGA TCATCGACCG AGCCATCACC 540
TCGCTGCGGG CCAACGGTGT GGAGATCAAC CGTGAGCAGT GGATCCAGGA TGCCGAGGAA 600
TGTGACAGGG CTGGGAGTGT GGCCACCTGC CAGGCCGTCA TCGGTGCCGT GATTGGGATT 660
GGGATTGAGG AGGAAGATCG GAAGCATACC TGGATGGAGG ATGCTGACAG TTGTGTAGCC 720
CACAATGCCC TGGAGTGTGC ACGAGCCATC TACGCCTACG CCCTGCAGGT GTTCCCCAGC 780
AAGAAGAGTG TGTGGCTGCG CGCCGCGTAC TTCGAGAAGA ACCATGGCAC TCGGGAGTCC 840
CTGGAAGCAC TCCTGCAGAG GGCTGTGGCC CACTGCCCCA AAGCAGAGGT GCTGTGGCTC 900
ATGGGCGCCA AGTCCAAGTG GCTGGCAGGG GATGTGCCTG CAGCAAGGAG CATCTGGCC 960
CTGGCCTTCC AGGCCAACCC CAACAGTGAG GAGATCTGGC TGGCAGCCGT GAAGCTGGAG 1020
TCCGAGAATG ATGAGTACGA GCGGGCCCGG AGGCTGCTGG CCAAGGCGCG GACAGTGCCC 1080
CCACCGCCCC GGTGTTCTATG AAGTCTGTGA AGCTGGAGTG GGTGCAAGAC AACATCAGGG 1140
CAGCCCCAAG TCTGTGCGAG GAGGCCCTGC GGCCTATGA GGAATCCCCA AAGCTGTGGA 1200
TGATGAAGGG GCAGATCGAG GAGCAGAAGG AGATGATGGA GAAGGCGCGG GAAGCCTATA 1260
ACCAGGGGTT GAAGAAGTGT CCCCCTCCA CACCCCTGTG GCTTTTGCTC TCTCGGCTGG 1320
AGGAGAAGAT TGGGCAGCTT ACTCGAGCAC GGGCCATTTT GGAAAAGTCT CGTCTGAAGA 1380
ACCCAAAGAA CCCTGGGCTG TGGTTGGAGT CCGTGCAGCT GGAGTACCGT GCGGGGCTGA 1440
AGAACATCGC AAATACACTC ATGGCCAAGG CGCTGCAGGA GTGCCCCAAC TCCGGTATCC 1500
TGTGGTCTGA GGCCATCTTC CTCGAGGCAA GGCCCCAGAG GAGGACCAAG AGCGTGGATG 1560
CCCTGAAGAA GTGTGAGCAT GACCCCCATG TGCTCCTGGC CGTGGCCAAG CTGTTTTGGA 1620
GTCAGCGGAA GATACCAAG GCCAGGGAGT GGTTCCACCG CACTGTGAAG ATTGACTCGG 1680
ACCTGGGGGA TGCCCTGGGCC TTCTTCTACA AGTTTGAGCT GCAGCATGGC ACTGAGGAGC 1740
AGCAGGAGGA GGTGAGGAAG CGCTGTGAGA GTGCAGAGCC TCGGCATGGG GAGCTGTGGT 1800
GCGCCGTGTC CAAGGACATC GCCAACTGGC AGAAGAAGAT CGGGGACATC CTTAGGCTGG 1860
TGGCCGCGCG CATCAAGAAC ACCTTCTGAT TGAGCGGTTG CCATGGCCGG TCTCCGTGGG 1920
GCAGGGTTGG GCCGCATGTG GAAGGGCTCT GAGCTGTGTC CTCCTTCATT AAAAGTTTTT 1980
ATGTCTCGTG TCAGAAAAAA AAAGAAAAGA AAAAAGGGGG CGCCCGGGGG C 2031
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 2:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1081 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 2

```
AAGACCCCGT CTCTACAAAG CAAAACGAAA AACAACAAAT GGAGTTGTGC TATGTTGTAT 60
TGCTTTGCAC AAAATTAGGA ACAGGTGTTT GACAATTGAA TTTGTTTTCT GTGAATTCTA 120
ACCTCTAAAG GCATGCTTAG AGGTCAAGGA CCTTCCTGTG TAGTTGGTGC AAAAGCAATC 180
TCCACAGGAC AGCACTGCTT CCATGCTTCA TACATCAGGA AATGAGGCCA GAACTTGAGT 240
ATTTACTAAC ACGTTTTTCA AAAGATGTCA GTGTTATACC TAAAGCTAAA AAAAAGCAAG 300
GGTTTGTTCAT AGAGGGAACC TCTAAATAAT TTCAGGGGTA GGGGAGATGT TGTCAATAGG 360
AAATGGGATA AAATATCAAG AGACAATGAA AACACTGCCT TGACATGAGG ACCAGCAAGT 420
TTATTCCTTTT CATTTTCAGT GATGTTGGGA ATGGACTGGG TTTTAAAAGG GAGCTTGAAG 480
AGGGAATGTT TGACAGTCAC AGAAGGTTCC TGCAGCAGAT GCCTCTTTTA GCCATTTCTC 540
ATTTTTTTCC TCAAATTTTA CCTACTGAGG CTCAAGCCTT CACAGTGAGC TGATGGTCTC 600
TACAGGGGAG GGGAGTCTAG GGAATTTATT TGGTATTTGT AAGGCAAGAG GTGATTTCTC 660
TCTAATATAT CTGAGTTATT GCTCATTTAA AACTGTTAAG TCCAGTATAA TTTTCCCTGA 720
TATGAAAAAA TGTGCATTTT TTTCACTTAG CAACAAAGTA CCTTCTAATT TCCAATAGTC 780
CGTGAAAGTT GGGGCTGAAG TACCTAAGTG TGAATGTCCT TCCCGTTAAA CTGAGTGTAG 840
AAATCTGAAT TTTTAAAAGA GCTGTAACCTA GTTGTAAGTG CTTAGGAAGA AACTTTGCAA 900
ACATTTAATG AGGATACACT GTTCATTTTT AAAATTCCTT CACACTGTAA TTTAATGTGT 960
TTTATATTCT TTTGTAGTAA AACAACATAA CTCAGATTTC TACAGGAGAC AGTGGTTTTA 1020
TTTGGATTGT CTTCTGTAAT AGGTTTCAAT AAAGCTGGAT GAACTTAAAA AAAAAAAAAA 1080
A                                                                                               1081
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 3:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1318 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 3

```
GCCAAAGCGC AGGGTCAGCG ACACTTCTTC CGGCCCAACG CCGTG CATGG AGCCCATCCT 60
GGGCCGCGAC CATTACAGCC AGCTGCGCAA GAAGAGCTGA GTCGCCGCAC CAGCCGCGCG 120
GCCCCGGGCC GCGGGGTTTC TCTAACAAAT AACAGAACCC CGCACTGCCC AGGCGAGCGT 180
TGCCACTTTC AAAGTGGTCC CCTGGGGAGC TCAGCCTCAT CCTGATGATG CTGCCAAGGC 240
GCACTTTTTA TTTTATTTT ATTTTATTT TTTTTTAGC ATCCTTTTGG GGCTTCACTC 300
TCAGAGCCAG TTTTAAAGG ACACCAGAGC CGCAGCCTGC TCTGATTCTA TGGCTTGGTT 360
GTTACTATAA GAGTAATTGC CTAACCTGAT TTTTCATCTC TTAAACCAA CTTGTGGCCA 420
AAAGATATTT GACCGTTTCC AAAATTCAGA TTCTGCCTCT GCGGATAAAT ATTTGCCACG 480
AATGAGTAAC TCCTGTCACC ACTCTGAAGG TCCAGACAGA AGGTTTTGAC ACATTCTTAG 540
CACTGAACTC CTCTGTGATC TAGGATGATC TGTTCCCCCT CTGATGAACA TCCTCTGATG 600
ATCTAGGCTC CCAGCAGGCT ACTTTGAAGG GAACAATCAG ATGCAAAAGC TCTTGGGTGT 660
TTATTTAAAA TACTAGTGTC ACTTTCTGAG TACCCGCCGC TTCACAGGCT GAGTCCAGGC 720
CTGTGTGCTT TG TAGAGCCA GCTGCTTGCT CACAGCCACA TTTCCATTTG CATCATTACT 780
GCCTTCACCT GCATAGTCAC TCTTTTGATG CTGGGGAACC AAAATGGTGA TGATATATAG 840
ACTTTATGTA TAGCCACAGT TCATCCCCAA CCCTAGTCTT CGAAATGTTA ATATTTGATA 900
AATCTAGAAA ATGCATTCAT ACAATTACAG AATTCAAATA TTGCAAAAGG ATGTGTGTCT 960
TTCTCCCCGA GCTCCCTGT TCCCCTTCAT TGAAAACCCAC CACGGTGCCA TCTCTGTGT 1020
ATGCAGGGCT ATGCACCTGC AGGCACGTGT GTATGCACTC CCCGCTTGTG TTTACACAAG 1080
CTGTGGGGTG TTACGCATGC CTGCTTTTTT CACTTAATAA TACAGCTTGG AGAGATTTTT 1140
GTATCACATT ATAAATCCCA CTCGCTCTTT TTGATGGCCA CATAATAACT ACTGCATAAT 1200
ATGGATACGC CTTATTTGAT TTAAGTAGTT CCCTAATGAT GGACTTTTAA GTTGTTCCT 1260
TTTTTTTTCT TTTTGTCTAC TGCAAACGAT GCTATAATAA ATGTCCTTAT CAAAATG 1318
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 4:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 731 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 4

```

CTTGGGACAA GACTCTCACC AGCACATCAC ACACGTTCTC CTTGGAAGAG AGAAGCAGTA 60
CATCCCGGTT GAGAGGTCAC AAAGCATTAG TGGAAGAAAT GTGGTAAAGG GGGGAAGGTG 120
TTATGCGGCT GTCCTCCCG TCCCAGAGGT GGCAGTGATT CCATAATGTG GAGACTAGTA 180
ACTAGATCCT AAGGCAAAGA GGTGTTTCTC CTTCTGGATG ATTCATCCCA AAGCCTTCCC 240
ACCCAGGTGT TCTCTGAAAG CTTAGCCTTA AGAGAACACG CAGAGAGTTT CCCTAGATAT 300
ACTCCTGCCT CCAGGTGCTG GGACACACCT TTGCAAAATG CTGTGGGAAG CAGGAGCTGG 360
GGAGCTGTGT TAAGTCAAAG TAGAAACCCT CCAGTGTGTG GTGTTGTGTA GAGAATAGGA 420
CATAGGGTAA AGAGGCCAAG CTGCCTGTAG TTAGTAGAGA AGAATGGATG TGGTTCTTCT 480
TGTGTATTTA TTTGTATCAT AAACACTTGG AACAACAAAG ACCATAAGCA TCATTTAGCA 540
GTTGTAGCCA TTTTCTAGTT AACTCATGTA AACAAGTAAG AGTAACATAA CAGTATTACC 600
CTTTCAGTGT TCTCACAGGA CATGTACCTA ATTATGGTAC TTATTTATGT AGTCACTGTA 660
TTTCTGGATT TTAAATTAA TAAAAAAGTT AATTTTGAAA AATCAAAAAA AAAAGAAAGG 720
AAGTAAAGG A 731

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 5 :

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2719 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

## (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

## (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

## (iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 5

```

GGAGACCAGG CCCACAGAGA ACAGGGCAAG GAGCAGGCCA TGTTTGATAA GAAGGTGCAG 60
CTCCAGAGAA TGGTAGACCA AAGGTCGGTG ATTTTCAGATG AAAAGAAAGT TGCCCTCCTC 120
TATCTAGACA ATGAGGAGGA GGAGAATGAT GGCATTTGGT TTTAATAAGC AGAAACATTT 180
TGTTTTAATG GCAGCCTGTT GGCGACGTGC CAACATCCAA AGGCCTTAAC TTATTTTAAG 240
AGGCCGAGGG AGTCTATGAA AATCTCCCT TTTTACTTT TTAAAGAGT ACTCCCGGCA 300
TGGTCAATTT CCTTTATAGT TAATCCGTAA AGGTTTCCAG TTAATTCATG CCTTAAAGG 360
CACTGCAATT TTATTTTGA GTTGGGACTT TTACAAAACA CTTTTTCCC TGGAGTCTTC 420
TCTCCACTTC TGGAGATGAA TTTCTATGTT TTGCACCTGG TCACAGACAT GGCTTGCATC 480
TGTTTGAAAC TACAATTAAT TATAGATGTC AAAACATTAA CCAGATTAAA GTAATATATT 540
TAAGAGTAA TTTTGCTTGC ATGTGCTAAT ATGAAATAAC AGACTAACAT TTTAGGGGAA 600
AAATAAATAC AATTTAGACT CTAAAAGTC TTTTCAAAAA GAAATGGGAA ATAGGCAGAC 660
TGTTTATGTT AAAAAAATTC TTGCTAAATG ATTTTCATCT TAGGAAAAAA TTAATTGCCA 720
TATAGAGCTA AATTCATCTT AAGACTTGAA TGAATTGCTT TCTATGTACA GAACTTTAAA 780
CAATATAGTA TTTATGGCGA GGACAGCTGT AGTCTGTTGT GATATTTTAC ATTCTATTTG 840

```

```

CACAGGTTCC CTGGCACTGG TAGGGTAGAT GATTATTGGG AATCGCTTAC AGTACCATTT 900
CATTTTTTGG CACTAGGTCA TTAAGTAGCA CACAGTCTGA ATGCCCTTTT CTGGAGTGGC 960
CAGTTCCCTAT CAGACTGTGC AGACTTGCGC TTCTCTGCAC CTTATCCCTT AGCACCCAAA 1020
CATTTAATTT CACTGGTGGG AGGTAGACCT TGAAGACAAT GAAGAGAATG CCGATACTCA 1080
GACTGCAGCT GGACCGGCAA GCTGGCTGTG TACAGGAAAA TTGGAAGCAC ACAGTGGACT 1140
GTGCCTCTTA AAGATGCCTT TCCCAACCCT CCATTCATGG GATGCAGGTC TTTCTGAGCT 1200
CAAGGGTGAA AGATGAATAC AATAACAACC ATGAACCCAC CTCACGGAAG CTTTTTTTGC 1260
ACTTTGAACA GAAGTCATTG CAGTTGGGGT GTTTTGTCCA GGGAAACAGT TTATTAAATA 1320
GAAGGATGTT TTGGGGAAGG AACTGGATAT CTCTCCTGCA GCCCAGCACC GAGATACCCA 1380
GGACGGGCCT GGGGGGCGAG AAAGGCCCCC ATGCTCATGG GCCGCGGAGT GTGGACCTGT 1440
AGATAGGCAC CACCGAGTTT AAGATACTGG GATGAGCATG CTTCAATTGGA TTCATTTTAT 1500
TTTACACGTC AGTATTGTTT TAAAGTTTCT GTCTGTAAAG TGTAGCATCA TATATAAAAA 1560
GAGTTTCGCT AGCAGCGCAT TTTTTTtagT TCAGGCTAGC TTCTTTCACA TAATGCTGTC 1620
TCAGCTGTAT TTCCAGTAAC ACAGCATCAT CGCACTGACT GTGGCGCACT GGGGAATAAC 1680
AGTCTGAGCT AGCACCACCC TCAGCCAGGC TACAACGACA GCCTGGAGG GTCTTCCCTC 1740
TCAGATTACAC CTGGAGGCCC TCAGACCCCC AGGGTGCACG TCTCCCCAGG TCCTGGGAGT 1800
GGCTACCGCA GTAGTTTCTG GAGAGCACGT TTTCTTCATT GATAAGTGGG GGAGAAATGC 1860
AGCACAGCTT TCAAGATACT ATTTTAAAAA CACCATGAAT CAGATAGGGA AAGAAAGTTG 1920
ATTGGAATGG CAAGTTTAAA CCTTTGTGTG CCATCTGCCA AATGAACTAG TGATTGTCAG 1980
ACTGGTATGG AGGTGACTGC TTTGTAAGGT TTTGTCTGTT CTAATACAGA CAGAGATGTG 2040
CTGATTTTGT TTTAGCTGTA ACAGGTAATG GTTTTTGGAT AGATGATTGA CTGGTGAGAA 2100
TTTGGTCAAG GTGACAGCCT CCTGTCTGAT GACAGGACAG ACTGGTGGTG AGGAGTCTAA 2160
GTGGGCTCAG TTTGATGTCA GTGTCTGGGC TCATGACTTG TAAATGGAAG CTGATGTGAA 2220
CAGGTAATTA ATATTATGAC CCACTTCTAT TTACTTTGGG AAATATCTTG GATCTTAATT 2280
ATCATCTGCA AGTTTCAAGA AGTATTCTGC CAAAAGTATT TACAAGTATG GACTCATGAG 2340
CTATTGTTGG TTGCTAAATG TGAATCACGC GGGAGTGAGT GTGCCCTTCA CACTCTGACA 2400
TTGTGACATT GTGACAAGCT CCATGTCCTT TAAATCAGT CACTCTGCAC ACAAGAGAAA 2460
TCAACTTCGT GGTGGATGG GGCCGGAACA CAACCACTCT TTTTGTATTT ATTGTTACTG 2520
AGACAAAACA GTACTCACTG AGTGTTTTTC AGTTTCCTAC TGGTGGTTTT GATATTGTTT 2580
GTTTAAGATG TATATTTAGA ATGACATCAT CTAAGAAGCT GATTTTGCTA AACTCCTGTT 2640
CCCTACAATG GGAAATGTCA CAAGAATGTG CAAAATAAAA AATCTGAGGA AAAAACCCAA 2700
AAAATTCCTA AAGAGAATG
2719

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 10:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1107 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

## (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

## (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

## (iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library



## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 10

```

gggccgggca gccagctga aggaataag ctgggctcac cgctgcagca gagttctgtg 60
ctagccgggc ataggggcga gagaaggccc agaggcgacg tcagagagaa gcaactgccc 120
cccgtgaag agaagctcgc ccacaccgg ctgggagcca gctttcagtg aagatggcag 180
ggccagaact gttgcttgac tccaacatct gcctctgggt ggtcctaccc atcgttatca 240
ctcttcgtag acatgatccg ccactacgtg tccatccctgc tggagagcga caagaagctc 300
acccaggaac aagtatctga caggggacga ggcaccaca gtccctctcc cataagcctg 360
ccaagaagat tgatgtggcc cgtgtaacgt ttgacctgta caagctgaac ccacaggact 420
tcattggctg cctgaacgtg aaggcgactt tttatgatac atactccctt tcctatgata 480
tgcactgctg tggggccaag cgcacatga aggaagcttt ccgctgggccc ctcttcagca 540
tgcaggccac aggcacgta ctgcttgga cctcctgtta cctgcagcag ctccctcgatg 600
ctacggagga agggcagccc cccaagggca aggcctcatc ccttatcccg acctgtctga 660
agatactgca gtgaaagccc aagtccttgg aagctttccc cagtgaagga ctgactgggg 720
gcctcacgct taactggtag tgcccacaag cctggcagct gtagagccgc gaacctcccc 780
acacctccct caccgcgacg gacctgagt gaggaggagg agctggaaac ctgggggtggg 840
ttggccaaag gagaacctca agctcctggc ctgatccagc tccttcctgc ccaaggcagc 900
ttagcccatc cagactgggtc ctgaagtctg tccctccatt ggcatgaagt ctgcccctca 960
gcagtccggc ctcacaggct gtactttcat ggtgctctct accttctggc ccccatccca 1020
gaacattcgt gagtgaattc gcaagcatac tagcatgtga tattaggagg tttgcaataa 1080
attattgatg ctgatgtaaa aaaaaaa
1107

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 11:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1062 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 11

```

gtgaatatgt gtgtatatgt gtgtgtatgt gtgtgtgggg tttggggtag aagggagggg 60
gggggcagga cagtgtggaa tctctagggt gtatgggtag gtagggggca cagttagttc 120
taagtgggct tttatgctaa aagcctctgg ggatatctgt tttgaaaata aagatagggt 180
tccctccctt gctgtcatct agcccagaca ctctgcttgc tctctggctg tctgctccct 240

```

```

gggaaggctt taggaggacc acccaggaca ggatgaccat gctgccatct gctctggagc 300
tgggtctcag tgcagaggga cagtgaactgt ggatgggtgc agtctctggt gggagggtgag 360
gatagaagtg ataaaagagct aagaggagct tctgggagcc ttggaggagg tcagtcttgc 420
agtgggtgaag ccaggacata ggagatggag cagggtctgt agaggaggag attctgagga 480
ggatgcaggg gaaatcttgt ctgttaatga aataggggtg ggggtggggt tgggggtggg 540
tggtcattgc cgtttgagct gctgattttc atgagtcgcc ttcaaaactc tcgtgtaggg 600
ttgacaatgt gggggggtgg gggatccagc ttattctttt attttcaagt ccattcttgg 660
ggctgggtgg gaggcaggag aatacccttc cctaagccct tagtgtgtgc cgagcttgc 720
ttgtgatgtt ggcaggggag gggagacctg ggtgggtgact gagttccctt tatcaaacc 780
ttcaatgggc acaaaattga gtgcttgatt ttaggtttta ttttttatg aatgtccaaa 840
tctgtgtttc ccctgcccct ccagactgt gtggccagtt gaaagtgtct ggtttgtgtt 900
catctctccc tcatctctgg agcagggcct gagaccctgc cacatctcct atgctctgca 960
tccacgctc ttttgacat taaagggtga ttgatgcaaa acaactttac aacgggggtgg 1020
cttggggaag cctgggggtg gccggcttat ggggttgccg cg 1062

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 12:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1471 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

## (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

## (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

## (iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 12

```

attacaggca tgagccactg taccagcct ttccttataa aattcaaaga gaaaatttct 60
acacctttat ccctcaaata aaacaagtgc tcagttctta ccgtgccctt gcaagggtcta 120
tatgtaaaag aaatctgaaa tttagctgta gaataaaact tgataaataa aaagaaaaaa 180
catacatttc tccagttggt ttgctctttg cttgttgaag taataaaccg ttttaaagag 240
aaaatacttg ctgtaaaccc ccagtgcctt caactctttt ggcagaatat ttttaaagaa 300
atccagcaag caaactttga ggtgctaatt aaagtaaagg aagggtggtat ttctagtttt 360
ggcagaaatg aaaagtgtct cacaagagac atcactaccc acgtgggggtc tggctgcttt 420
ctaccaaaaga catttagaga agaagtgaat tgagtcaggg tgatgggtgaa cactacatat 480
tttatagatg gttaagtga gaattaatta tgtttatcat ggatgggtac taataccaag 540
ctcatgattg ttgcagcctc aacgtcttag gcagtaaaac ttgtctgcag cactaaaggg 600
ggagaaaccc ttatatattg caaactgtcc attcgttaa tttattgtaa cctaatacca 660
aaaactgccc tttttcatat tatttcccca cctcctactt tttttttttt tttttgttac 720
ttgtaaaata accccttcta gaaaataagc attaactgga atgtttcaaa caattttgct 780

```

```

tcatttttact atcagccact agtgaactct tacagagatg tacattttaag ataaaaattag 840
cttgtgctaa gtgtttttaa aacattgttt actgtttaaag gggaattgca cattatatatt 900
aactgggatt gctccctccc tcagttcttt aaaaaacaag agtcaaggct cacaccaact 960
tgtaggctgt gggagctttg ccataggtag atacaatgta gaagtatact tttttaaaagc1020
atgaagaaga caaggaactt cattataatg taccaggtag aggacattat tattcaaaggi080
attatgcaca gctcagtgaa gatgaagtta caatttttct cgcagctttg ttgctattatl140
tttcttctgc ataaatgtat gctcatttca ttatgtgcct tgctccctga ttgtgcaaagl200
cttatatata tatatatata gatagataga tagatagata gatatatgag agagatatatl260
tcagtactac tgaggatgtt tttctgagga tgtttttgtt ctgctggatt aagttattttl320
ccaagttact cttgccagtt atgtcagtaa actattgtaa tggcttagca cactagtcgtl380
acagtcagtg taaatgtttt tcattttacat gttttcatta taccagctta tcaaattcctt1440
aataaaaaaa attcatagat ttcattttaa c 1471

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 13:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2738 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

## (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

## (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

## (iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 13

```

gctccgtgcc agcatgctac cctgggaggc acatccaggc ttgggaaacg ggggtgtcct 60
ggatctcatg actccagcag caccagctgc tctctttcct cttccaagta gacttccgtt 120
cccccccccac ttgggtgttt ttgtttgttt tagcaattca gagctcaaga taaagacctt 180
aaagataact ttgtgtgtct ctccctttct aggtatttgc ataggaatca gaggagttaa 240
tcttgtctct tctcacaggt ttgaatcttc agacaaactt ctgggaggac tcggtccatg 300
cctcgcagca gatgttccct gtcaatcagt aggcaaattg gctacccatt ctcccagaa 360
atctcaccag tgtgctcact gtgagaagac gttcaaccgg aaagaccacc tgaaaaacca 420
cctccagacc cagcacccca acaaaatggc ctttggtgtg gaggagtgtg ggaagaagta 480
caacaccatg ctgggtctata agaggcacct ggccctccat gcggccagca gtggggacct 540
cacctgtggg gtctgtgccc tggagctagg gagcaccgag gtgctactgg accacctcaa 600
agcccatgcg gaagagaagc cccctagcgg aaccaaggaa aagaagcacc agtgcgacca 660
ctgtgaaaga tgcttctaca cccggaagga tgtgcgacgc cacctggtgg tccacacagg 720
atgcaaggac ttctgtgccc agttctgtgc ccagagattt gggcgcaagg atcacctcac 780
ccggcatacc aagaagaccc actcacagga gctgatgaaa gagagcttgc agaccggaga 840
ccttctgagc accttcacac ccattctgcc ttcatccaa ctgaaggctg ctgccttgcc 900
tcctttccct ttaggagctt ctgccagaa cgggcttgca agtagcttgc cagctgaggt 960

```

```

ccatagcctc accctcagtc ccccagaaca agccgcccag cctatgcagc cgtgcccaga1020
gtccctggcc tccctccacc cctcggtatc ccctggctct cctccgccac ccttcccaal080
tcacaagtac aacaccactt ctacctcata ctcccaactt gcaagcctgc cctcaaagcl140
agataactaaa ggtttttgca atatcagttt gtttgaggac ttgcctctgc aagagcctcal200
gtcacctcaa aagctcaacc caggttttga tctggctaag ggaaatgctg gtaaagtaaa1260
cctgcccagg gagctgcctg cagatgctgt gaacctaaac atacctgcct ctctggacct1320
gtcccccctg ttgggcttct ggcagctgcc ccctcctgct acccaaaata cctttgggaa1380
tagcactctt gccctggggc ctggggaatc tttgcccac aggttaagct gtctggggca1440
gcagcagcaa gaacccccac ttgccatggg cactgtgagc ctggggccagc tccccctgcc1500
ccccatccct catgtgttct cagctggcac tggctctgcc atcctgcctc atttccatca1560
tgcattcaga taattgattt ttaaagtgt tttttcgtat tctggaagat gttttaagaal620
gcattttaaa tgtcagttac aatatgagaa agatttgga aacgagactg ggactatggc1680
ttattcagtg atgactggct tgagatgata agagaattct cgaactgcat gtattgtgcc1740
aatctgtcct gagtgttcat gctttgtacc aaatttaatg aacgcgtgtt ctgtaatcaal800
actgcaaata ttgtcataac caacatccaa aatgacggct gctatatata agtgtttgtc1860
atatggaatt taatcgtaag ccatgatcat aatgttaact aaataacttt atgtggcact1920
gcctagtaag ggaactatgg aaaggtttgg atttctccaa atctgggaga attttcaaaa1980
taagaaaata acctttatat gatatactat gactaggctg tgtatttctt ttcagggtt2040
tttctacctt cagggttggg tgtagtttag ttactattac catagccaac ctgtagtttt2100
acatatatat tttcttgtgg agcaatagag ttctccattt tacagaagca ttttaaatgt2160
agtttgaata tttccacaa gatgctgcaa tgtgagttat cacttcattt atcttaaga2220
aagactaaac tggttgtcag ttacatctga cagaaaaaaa aaaaaaatca ctgtgtaacc2280
aggttaaagt gtaaaataat ccaggcgtca gtcaaaggca ttttgcctgac ttaatatattg2340
attatatatt taacaggaat ttaagaaaat attactggaa ttaaaaatat atatatatta2400
aacaagaatt ttctttgctc tgtctagctt aaactactac tcaagctgct taagttctta2460
agtattgttt gtaatcacca ataaataagt gcatttgtaa ttcacagtc attattagct2520
tttattaaaa gaagattacg ttttacaatg taactataat ctcttgaatt tggatctta2580
ttaatgagtt taaagatgt aaaacctaac cttttttaaa gctccattgt cttatgtttt2640
tagaggcttt tccgtaaaaca tatatcttac atataataaa cttttcaaat cttgcaaaaa2700
aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaa

```

2738

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 14:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1710 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 14

```

cgccgcgggccc cctcctccca gagcggcagc cttttccgcg gcgtgctgcc ttgcgcgctc 60
gggcccggccg ggggaaaaaca tggcgtctgc cctggagcag ttcgtgaaca gtgtccgaca 120
gctctcagct caagggcaaa tgacacagct ttgtgaactg atcaacaaga gtggggaact 180
ccttgcaag aacttatccc atctggacac tgtgctcggt gctctggatg tacaagaaca 240
ctccttgggc gtccttgctg tttgtttgt gaagttttct atgccagtg ttctgactt 300
cgaaacgcta ttctcacagg ttcagctctt catcagcact tgtaatgggg agcacattcg 360
atatgcaaca gacacttttg ctgggctttg ccatcagcta acaaatgcac ttgtggaaag 420
aaaacagtga caacataaga tccaatgtgc tgccatcttt gagaacttat ctgaaagaga 480
tgtcattttt gacagccctt gcgaggaatt ggcacacctt agcaagccat agacaagatg 540
cagatgaata caaacagct gacctcaata catgctgac tctgccagct ttgtttgcta 600
gcaaaatgct ttaagcctgc cttccata: cttgacgtgg atatgatgga tatctgtaa 660
gagaatggag cctatgatgc aaaacacttt ttatgttact attattatgg agggatgatc 720
tatactgggc tgaagaactt tgaaagagct ctctactttt atgaacaggc tataactact 780
cctgccatgg cggtcagtca tatcatgttg gaatcatata aaaagtatat tttagtgctc 840
ttgatattac ttggcaaagt acaacagcta ccaaaatata catctcaaat tgtgggtaga 900
ttcattaagc ctcttagcaa tgcataccac gagttagcac aagtgtattc aaccaacaac 960
ccctcagaac tccgaaacct ggtgaataag cacagtgaac cttcactcg cgataacaac 1020
atggggctgg tgaagcaatg cttgtcatct ctttataaga agaattattc gaggctaaca 1080
aagacctttt taactctatc attacaagat atggcaagtc gtgtgcagtt gtctggacct 1140
caggaggcag agaaatacgt tctgcacatg atagaagatg gtgagatttt tgcaagtatt 1200
aaccagaagg acggtatggc cagtttccat gataaccctg aaaaatataa taaccagacc 1260
atgcttcata acattgatca ggagatgctg aagtgcattg agctggatga gcggtgaaa 1320
gccatggacc aggagatcac agtgaacctt cagtttgtag aaaagagtat atcctgagct 1440
gaagatgatt caggaaacaa accatccagt tattcttgaa actaacatcc atcctgagct 1500
aaacaagaga aactaccatc ttggccagtg acaagtgttc ggagggcagc agagaggacc 1560
aagcctgtgt cacctggaga ctaagaaatt aagttttgtt ttgacatctt cagtcctgtg 1620
tgctttcaga aaaccatttt ctctgcaaag aaaggaaaca gatttgcaa ctttaaagtc 1680
tgctgtggat ttatttatcc tcagattatt gttactgcat taaatctacc tttttgtttt 1710
aagttgcttg aacattaaaa aaaaaaaaaa

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 15:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 3159 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

## (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

## (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

## (iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 15

```
cgctggataa aagcattaac catcagatcg agtctcccag tgaaaggcgg aagtctataa 60
gtggaaagaa gctgtgctct tccgtgtggc ttcctttggg taaaggagct gcaatgatca 120
tcgagaccct caatctctat ttccacatcc agtgtttcag gtgtggaatt tgtaaaggcc 180
agcttggaga tgcagtgaat gggacggatg ttaggattcg aaatgggtct ctgaaactga 240
atgattgcta catgcgatcc agaagtgcg ggcagcctac aacattgtga caccgctttc 300
aagcttccgg atcactcacc atttctttac tgagagtgtc ccctggcaac tgcttaacaa 360
aatcccaagc tcaggggctt ctcagcattt acctaatctc tgaaaggctc ttctgaaagg 420
tggtatctgt tctttcgtag cacagtgttt atgtttttcc tgtttattgt tttgggtttt 480
tgtttttttt ttgcatttgc acagtataca caaaagaata tgggggttgta atgatcctga 540
atagctcaaa aaagggtttta gcatggtcaa acaggcttat gggtttaaaat gtgttattct 600
cttctttggg aattagctaa atgatgcaat aaacctgttt tgttttagaa tgtctaggaa 660
ttaaacactt tatgtttaca gaattgagct gcagaaagtg caagacatgc caatttgaga 720
cacacggctc tctaagactg aaggataaat ttaatgcatt tcagaaacta aacatcacag 780
caagctctat ctctgagcta taatttgttt ttaatgcaaa gacactagtt tgactaatata 840
tactgtaatc ctgaaacatt tgtgttactt accttggag gtagaaatta taccaataaa 900
ttattgcacc gttagtatta gattctgtgt accttggag ttatgtcatt aatataggct 960
ggttcatcaa ataaagcaaa accttgcaat atcagctaga ttactactcc gggacgttgc 1020
ccaaaggtag gaagaaagca gagggaataa ttccagtcatt ctttccaaa gtcattatca 1080
aaatctgtga ggaagttaa tcttccaaag agtcaatgtc agacatcagg cctctgttgc 1140
ctgcttctct cgaggcacta gattaggagt cttcaataag agacttaaca tgaggatat 1200
ggaagatgag gcaccgagat aagttcatca ttaggtgtga gcaactgctc cccttgcctg 1260
caagttctcc ttaaggccct gaagcacagg tgtccaaaaga aaagcgtaa gtccatctta 1320
atagaatcta tgtgttatat gatgtgttca gccctgtgtc tgtgatcagc aagaacctac 1380
agcacagatt atgccctgcc cacttcaatg aatacctact ctctccatt ctccatct 1440
ttttttgcta tcaagaactc cggaccttgc acatggagaa gtttagagag gaactctgt 1500
ggagagctgg tttattttct gccctgtgag acgagtttca gctggccaag aaaggagtca 1560
agttattaaa aagcatcaca atgtagatct ccaggctggt tttttgtttt ttgtgtta 1620
gactggggaa agggggacta tttattctgc cttaaatcaa tggcaaataa gtcaagatga 1680
cattttgtga atgtagacta tggatacact cctaatagat tgatgtagtc ataaaagggg 1740
gtcaagtaga tgtttttctg ttatgtaagc aataattttt ccgtgtctta ttgagtatg 1800
ctagcgatta tttattacat gctagatggg ttctttgcat gtgggttcca tatagggtga 1860
gaaatttctc cagccactgg agggatttct accatatattg tcatattggat gagctgttat 1920
tagattgaaa tctacacatc atttcattaa aaattgtgcc ttagaaaacg caaagctgt 1980
gcacatggcg ataaattatg gatgcagtac attgaagaga gatgaagtca cttccaagtt 2040
tccaagactt ctcatggagg tgtttgtgtt tttacaggaa aaaaaaaga 2100
aaaaaaagag aaaaaattaa attcaaaaat tgttttgaat atgtacagat caagtccaat 2160
attttgatta tccacctgca tgttttatta aatatattga taatgtggat gtttacact 2220
tgcatgatat tagcagagta ccactagtaa tgcacaaaca tgtacaatat ggtcattcat 2280
aaccgatttt tatagaatac tttttacatg tgcaactcca tccgttatgt aaggattaca 2340
tgaatattgc acattccctt ctggtttcac aaaccattt atacatattt cttagtagg 2400
ctcattgtac atgtattgaa gctagaatcg agtcaagaaa aataaagccc cattctccaa 2460
ctgcaaaatg tgctttccca taatgaacac tagtcaccag cacagaataa tctccaacat 2520
tttctaaatt ctaattgcc aactgttcta tttatatattg atttatattt catttgagt 2580
ctgttacatg gcagcttagg cagactagat cttgtttttt ccaatgcagc ataagagta 2640
tgattctattt cttttcaaat aatctttgag atcccaggaa aaaaaaatg ctctgtcca 2700
ttgagctata atgtaaatgt gtttgtttta aaaaacaggtg aggcaagtga gtgatttat 2760
gttctctgag aagtatatct gatttttttt ctcatactcc aaaagctagt ccctactct 2820
taataaaaaa aatgggtaac tttttgtttt tccactagoga acttccatga catttcttt 2880
ctatgtagtg tgattaatgc aatacatatt atagttatct atacacagt taagatttaa 2940
caaactgaaa tgatccacct catatgtgag tccgtccaaa agatgttact gctctgggtg 3000
ggccagtggt ctatatcggt tatactaact ttcatttaaa gtatttattc taaaatgct 3060
ctgagaaaaca gtaaaaaata aaaacaacaa gttgtctaaa atgcaacagc ttttatagta 3120
aatgtacatt tataaataaa atactcaaat caaaaaaaa 3159
```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 16:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1680 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 16

```
aataatttga tgcattctgga atttatattt ctcatattgt tctagatttt aacattgtat 60
ttttttcttt tttcttccct cctgctgcc tctctcctct caacagtcct ggtacctggg 120
ctagcttggt tcctttccaa gtgtcaaata ggacacccat cttaccggcc aatgtccaaa 180
attacggttt gaacataatt ggagaacctt tccttcaagc agaaacaagc aactgaggga 240
aaaagaaaca caacaatagt ttaagaaatt ttttttttaa ataaaaaaaaa ggaaaagagg 300
aagactggac aaaacaacac aaaggcagaa aggaaagaaa ctgaagaaag aagataatag 360
accagcaatt gcagcactta caatcactaa ttcccttaag gttgaaactg taatgacata 420
aaaagggtcg atgatatttc actgatggta gatcgacgcc cctgcaacgt agcctttgtt 480
acatgaaagtc cgctgggaaa tagatgttct gtctctatga caatatattt taactgactt 540
tctagatgcc ttaatatattg catgataagc tagttttatt ggtttagtat tcttgttgtt 600
tacgcatgga atcactattc ctggttatct caccaacgaa ggctaggagg cggcgtcaga 660
ggtgctgggt gacagagcca tgagccagcc attttataag cactctgatt tctaaaagtt 720
aaaaaaaaata tatgaaatct ctgtagcctt tagttatcag tacagattta ttaaatttcg 780
gcccttaacc cagccttttc cagtgtgtaa cccagtttga aatcttaaaa aaagaaaaaa 840
tgaaaaaaa aggaaaaaaa gaaaaaagga aaaaaacagt ttgaacacaa aggctctatg 900
gaagaaatgc ctctatgtag gtgaagtgtt ctctctgcat gcaacagtaa aaattaatat 960
aatattttcc ccacaaaaga aacacttaac agaggcaagt gcaatttata aatttatatc 1020
taagggggaa tcatgattat aagtccttca gcccttggac tctaaattga ggggattaaa 1080
aagaatttaa aataattttg aacgaattta ttttccctc agtttttgag ggcattaaaa 1140
aggcattaaa tcaagacaaa tcatgtgtct gagaaaaata aaattaatga aaacacagca 1200
cttatgttgg tttagctgca gcctccttgg aggtagaatt tatttattta aaattactgg 1260
ttgcatcaag aacctatagg gtgtacaaaa ggttctataa aatctgcatt atagagacaa 1320
agaggcaggc aaatccatgt cacaagggtt aagcttacag ttacaaaact gggaacgccal 1380
gggtgtagga tataaaaacg cactcttgag aaaacaaatg taatcagggt gctgaaaact 1440
tgcatgggtc tttcagacat tagccttggt caacaaattt cttgtattga cagatccata 1500
gtgtgcatgg gcagacacat tttgcctcta tgtctcttaa aattttaatt aaaaatactc 1560
tttccagtaa tctaatttg cacgaagata taatgtccac attacgtgcc ttgccttgaa 1620
```

atctaaaaaa caaaaaacaa aaaagaaaaag gaacaaaaaa atacaacaaa gtgacatcac1680

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 18:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1722 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 18

```

cattgtttgc caaaatccca ggcagcatgg acctcagtct tctctgggta cttctgcccc 60
tagtcacccat ggcctggggc cagtatggcg attatggata cccataccag cagtatcatg 120
actacagcga tgatgggtgg gtgaatttga accggcaagg cttcagctac cagtgtcccc 180
aggggcaggt gatagtggcc gtgaggagca tcttcagcaa gaaggaaggt tctgacagac 240
aatggaacta cgctgcatg cccacgccac agagcctcgg ggaacccacg gagtgtctgg 300
gggaggagat caacagggtt ggcatggaat ggtaccagac gtgctccaac aatgggctgg 360
tggcaggatt ccagagccgc tacttcgagt cagtgtctga tcgggagtggt cagttttact 420
gttgtcgcta cagcaagagg tgcccatatt cctgctggct aacaacagaa tatccaggtc 480
actatggtga ggaatggac atgatttctt acaattatga ttactatatc cgaggagcaa 540
caaccacttt ctctgcagtg gaaagggatc gccagtggaa gttcataatg tgccggatga 600
ctgaatacga ctgtgaattt gcaaatgttt agatttgcca cataccaaat ctgggtgaaa 660
ggaaaggggc cgggacagg aggggtgtcc catatgttaa catcagttgg atctctata 720
gaagtttctg ctgctctctt tcttctctcc tgagctggta actgcaatgc caacttctg 780
ggcctttctg actagtatca cacttctaataaaaatccaca attaaaccat gtttctcact 840
tttcacatgt ttcatagcaa ctgctttata tgactgatga tggcttcctt gcacaccaca 900
tatacagtgc gcatgcttac agccgggctt ctggagcacc agctgcagcc tggctactgc 960
tttttactgc agaatgaact gcaagttcag catagtggag gggagaggca gaactggagg1020
agaggtgcag tgaaggttct ctacagctaa gcctgttga atgatacgta ggttccccac1080
caaaagcagg ctttctgccc tgagggacat cttcccactc ccctgctcca catgagccat1140
gcatgcttag caatccaagt gcagagctct ttgctccagg agtgaggaga ctgggaggtg1200
aaatggggaa atggaagggt ttggaggcag agctgaaaac aggggttgaa ggatttctctg1260
aattagaaga caaacgttag catacccaat aaggaaaaatg agtgcagggg ccaggggaac1320
ccgtgaggat cactctcaaa tgagattaaa aacaaggaag cagagaatgg tcagagaatg1380
ggattcagat tgggaacttg tggggatgag agtgaccagg ttgaactggg aagtggaaaal440
aggagtttga gtcactggca cctagaagcc tgcccacgat tcttaggaag gctggcagac1500
accctggaac cctggggagc tactggcaaa ctctctctgga ttgggcctga tttttttggt1560
gggaaaggct gccctgggga tcaactttcc ttctgtgtgt ggctcaggag ttcttctgca1620

```



gagatggcgc tatctttccct cctcctgtga tgtcctgctc ccaaccattt gtactcttca1680  
 ttacaaaaga aataaaaaata ttaacgttca ctatgctgaa aa 1722

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 19:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1612 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 19

ggccatggaa attaaagttg aaaaagactt gaagactgga gaaagtacag ttctgtcttc 60  
 aattacctct gccatcagat gacttttaaag gtacaggaat aaaagtttat gatgatgggc 120  
 aaaagtcagt gtatgcagta agttctaatc acagtgcagc atacaatggc accgatggcc 180  
 tggcaccagt tgaagtagag gaacttctaa gacaagcctc agagagaaac tctaaatccc 240  
 caacagagta tcatgagcct gtatatgcca atccctttta caggcctaca accccacaga 300  
 gagaaacggt gacccctgga caaaactttc aagaaaaggat aaagattaaa actaatggac 360  
 tgggtatttg tgtaaatgaa tccatacaca atatgggcaa tgggtctttca gaggaaaggg 420  
 gaaacaactt caatcacatc agtcccattc cgccagtgcc tcatccccga tcagtgattc 480  
 aacaagcaga agagaagctt cacaccccgc aaaaaaggct aatgactcct tgggaagaat 540  
 cgaatgtcat gcaggacaaa gatgcaccct ctccaaagcc aaggctgagc cccagagaga 600  
 caatatttgg gaaatctgaa caccagaatt cttcaccac ttgtcaggag gacgaggaag 660  
 atgtcagata taatatcggt cattccctgc ctccagacat aaatgataca gaaccggtga 720  
 caatgatttt catgggggat cagcaggcag aagacagtga agaagataag aagtttctga 780  
 caggatatga tgggatcatc catgctgagc tggttgtgat tgatgatgag gaggaggagg 840  
 atgaaggaga agcagagaaa ccgtcctacc accccatagc tccccatagt cagggtgtacc 900  
 agccagccaa accaacacca cttcctagaa aaagatcaga agctagtcct catgaaaaca 960  
 caaatcataa atccccccac aaaaattcca tatcttgaa agagcaagaa gaaagcttag1020  
 gcagccctgt ccaccattcc ccatttgatg ctcagacaac tggagatggg actgaggatc1080  
 catccttaac agctttaagg atgagaatgg caaagctggg aaaaaagggt atctaagagt1140  
 tgtaccacct atataaacat cctttgaaga agaaactaag aagcatttgc aaatttctct1200  
 tctggatatt ttgtttattt tttctgaagt ccaaaaaatt atcattacag tgtaccatat1260  
 taagccatgt gaataagtag tagtcattat ttgtgaaaaa tccccaaaaa gctggggaaa1320  
 acaaatgtgt aacttttcca gttacttgac acgattcagt ggggggaaac cagcattttt1380  
 tattctattg ataccaaaagc atttctaata agagcttggt aaatttaaga ataaagttaa1440  
 ttaaaatata aagagtatag tatattaact ggcattgtaa ttttgatgat acaaagattg1500

aaagatcata ggaaagcatt gcccttcac acagaagtat tcaactctga caaataaatal560  
 tgtcatcctg aattaaaaat gccttaataa aagtacatcc tcctgctaaa aa 1612

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 21:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1304 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 21

agaagttccc aggcatacgg ccttacctgg ctacactggc aggcaacttc cgaatgcctg 60  
 tgttgagggg gtacctgatg tctggaggta tctgccctgt cagccgggac accatagact 120  
 atttgctttc aaagaatggg agtggcaatg ctatcatcat cgtggtcggg ggtgcggtcg 180  
 agtctctgag ctccatgcct ggcaagaatg cagtcaccct gcggaaccgc aagggctttg 240  
 tgaaactggc cctgcgtcat ggagctgacc tggttcccat ctactccttt ggagagaatg 300  
 aagtgtacaa gcaggtgatc ttcgaggagg gctcctgggg ccgatgggtc cagaagaagt 360  
 tccagaaata cattggtttc gccccatgca tcttccatgg tcgaggcctc ttctcctccg 420  
 acacctgggg gctgggtgcc tactccaagc ccataccac tgttggtgga gagcccatca 480  
 ccatcccaa gctggagcac ccaaccacgc aagacatcga cctgtaccac accatgtaca 540  
 tggaggccct ggtgaagctc ttcgacaagc acaagaccaa gttcggcctc ccggagactg 600  
 aggtcctgga ggtgaactga gccagccttc ggggccaatt ccctggagga accagctgca 660  
 aatcactttt ttgctctgta aatttggaag tgtcatgggt gtctgtgggt tatttaaaag 720  
 aaattataac aattttgcta aaccattaca atgttaggtc ttttttaaga aggaaaaagt 780  
 cagtatttca agttctttca ctccagctt gccctgttct aggtgggtggc taaatctggg 840  
 cctaactctg gtggtcagc taacctctct tcttcccttc ctgaagtgc aaaggaaact 900  
 cagtcttctt ggggaagaag gattgccatt agtgacttgg accagttaga tgattcactt 960  
 ttgcccccta gggatgagag gcgaaagcca ctctcatac aagccccttt attgccacta1020  
 cccacgcctc gtctagtctt gaaactgcag gaccagtttc tctgccaaag ggaggagttg1080  
 gagagcacag ttgccccgtt gtgtgagggc agtagtaggc atctggaatg ctccagtttg1140  
 atctcccttc tgccaccctt acctcaccct tagtcactca tatcgagacc tggactggcc1200  
 tccaggatga ggatgggggt ggcaatgaca gcctgcaggg gaaagagctt tcgcccgtgg1260  
 acgattttag ggggggtttc gccaccagtt ggtgtggggg gtta 1304

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 22:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1533 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 22

```
gcgaggagct ggcacgcagc cagggccttt gctcaagaag ccataccagc caagaattaa 60
aatctctaaa acatcagtggt atggtgatcc ccactttggt gtggatttcc ccctgagcag 120
actcaccgtg tgcttcaaca ttgatgggca gcccggggac atcctcaggc tgggtctctga 180
tcacagggac tctggtgtca cagtgaacgg agagttaatt ggggcacccg cccctccaaa 240
tgccacaaag aaacagcgca cttacttgcg cactatcacc atcctcatca acaagccaga 300
gagatcttat ctcgagatca caccgagcag agtcatcttg gatggtgggg acagactggg 360
gctccccctg aaccagagtg tgggtgggtgg gagctggggg ctggagggtg ccgtgtctgc 420
caacgccaat gtcaccgtca ccatccaggg ctccatagcc tttgtcatcc tcatccacct 480
ctacaaaaag ccggcgccct tccagcgaca ccacctgggt ttctacattg ccaacagcga 540
gggcctttcc agcaactgcc acggactgct gggtcagttc ctgaatcagg atgccagact 600
cacagaagac cctgcagggc ccagccagaa cctcactcac cctctgctcc ttcagggtggg 660
agaggggcct gagggcgtcc taacagtgaag aggccacca gtcccagtggt tctggaagca 720
aaggaagatt tacaacgggg aagagcagat agactgctgg tttgccagga acaatgccgc 780
caaactgatt gacggggagt acaaggatta cctggcatcc catccatttg acacagggat 840
gacacttggc cagggaatgt ccaggagct ctgaagctgg cagccttaaa gatgcaagt 900
catgaaggac agtgatgtgg ggaggccgtg gggcagctct tttcatggct tgtacacgcc 960
tcagctcctg gcaattagct ggactccatg acccaccctt ggtgcagcat agatccgacg 1020
tctgtctggg cgaagggtag ggggtgggtag gggcggaag cctgagtgca aatgtcattt 1080
ccctctactg cctcttctct cctctcccca ccctgcccac atccacagag gggagagaag 1140
ggtcatagct aaatgcaaca aagtctgtat cttgtcccaa cctgcttttc tgttctgtta 1200
gcatatcata aagtaagcct ttctggtgaa ggaagggtgc tatgaaactt tttttcttgg 1260
tggaatggc caagtttagg cactctgctt tttgccttac actaatgctt agaaagctgt 1320
cttttcagtg gtgttgacgc ccccagatgt gtggccaacc tctgctgcaa aggaatctct 1380
tgctgagtc aggccacca tcaggcaaat agccataca tttgatcggt gtaaaccatg 1440
aagtcttttc ttgcaagacg tttttcttct gctgtggtat cttgccctta aaaattagtt 1500
ttcattaaaa agaaatttga ttgaaaataa aaa 1533
```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 23:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1304 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 23

```

caagtgtgag ccaccacacc tggcctggaa ggaacctctt aaaatcagtt tacgtcttgt 60
at ttgtttct gtgatggagg acactggaga gaggttgctat tccagtcagt catgtcgagt 120
cactggactc tgaaaatcct attggttcct ttat ttattt tgagtttaga gttcccttct 180
gggtttgtat tatgtctggc aaatgacctg gggttatcact tttcctccag ggtagatca 240
tagatcttgg aaactcctta gagagcattt tgctcctacc aaggatcaga tactggagcc 300
ccacataata gatttcattt cactctagcc tacatagagc tttctgttgc tgtctcttgc 360
catgcacttg tgcggtgatt acacacttga cagtaccagg agacaaatga cttacagatc 420
ccccgacatg cctcttcccc ttggcaagct cagttgccct gatagtagca tgtttctgtt 480
tctgatgtac cttttttctc ttcttctttg catcagccaa tccccagaat tccccaggc 540
aatttgtaga ggacctttt gggttcctat atgagccatg tctcaaagc ttttaaacct 600
ccttgctctc ctacaatatt cagtacatga ccactgtcat cctagaaggc ttctgaaaag 660
aggggcaaga gccactctgc gccacaaagg ttgggtccat cttctctccg aggttgtgaa 720
agttttcaaa ttgtactaat aggcctgggc cctgacttgg ctgtgggctt tgggaggggt 780
aagctgcttt ctatgctctt cccagtgagg catggagggt tttctgaatt ttgtctacct 840
cacagggatg ttgtgaggct tgaaaaggtc aaaaaatgat ggccccctga gctctttgta 900
agaaaggtag atgaaatata ggatgtaatc tgaaaaaaag ataaaatgtg acttccccctg 960
ctctgtgcag cagtcgggct ggatgctctg tggcctttct tgggtcctca tgccacccca1020
cagctccagg aaccttgaag ccaatctggg ggactttcag atgtttgaca aagaggtacc1080
aggcaaaact cctgctacac atgccctgaa tgaattgcta aatttcaaag gaaatggacc1140
ctgcttttaa ggatgtacaa aagtatgtct gcatcgatgt ctgtactgta aatttctaatt1200
ttatcactgt acaaaagaaaaa ccccttgcta tttaattttg tattaagga aaataaagt1260
ttgtttgtta aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaa

```

1304

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 24:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2403 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure

(C) STrang: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 24

```
gtccctggcg ccctgccttt agccgtgggg cccccacctc caccctctgg gtttccctagg 60
aatgtccagc ctccggagacc ttcacaaagc cttggggaggg tgatgagtgc tggctcctgac 120
aagaggccgc tggggacact gtgctgtttt gtttcgtttc tgtgatctcc cggcacggtt 180
ggagctggga agaccacact ggtggcagaa tcctaaaatt aaaggaggca ggctccctagt 240
tgctgaaagt taaggaatgt gtaaaacctc cacgtgactg tttggtgcat cttgacctgg 300
gaagacgcct catgggaacg aacttgga caacttgga ggtgttgggt tgaggcctct tctgcaggaa 360
gtccctgagc tgagacgcaa gttggctggg tgggtccacac cctggctctc ctgcaggctc 420
acacaccttc caggcctgtg gcctgcctcc aaagatgtgc aagggcaggc tggctgcacg 480
gggagaggga agtattttgc cgaaatatga gaactggggc ctccctgctc caggagctc 540
cagggccccct ctctcctccc acctggactt ggggggaact gagaaacact ttcctggagc 600
tgctggcttt tgcaactttt tgatggcaga agtgtgacct gagagtccca ccttctcttc 660
aggaacgtag atgtcggggg gtcttgccct ggggggcttg gaacctctga aggtggggag 720
cggaacacct ggcacacctt ccagcactt gcattaccgt ccctgctctt ccaggtggg 780
gacagtggcc caagcaaggc ctcaactcga gccacttctt caagagctgc ctgcacactg 840
tcttgagca tctgccttgt gcctggcact ctgccgggtg cttgggaagg tcggaagagt 900
ggactttgtc ctggccttcc ctcatggcg tctatgacac ttttgtggtg atggaaagca 960
tggaacctgt cgtctcagcc tgttggtttc tctcattgct ctcaaaccct ggggtaggtg 1020
ggacgggggg tctcgtgccc agatgaaacc atttggaac tcggcagcag agtttgtcca 1080
aatgacctt ttcaggatgt ctcaaagctt gtgcccagg tcacttttct ttcctgcctt 1140
ctgctgtgag ccctgagatc ctctcccag ctcaaggagc aggtcctggg tgagggtggg 1200
agatttagac acctgaaact gggcgtggag agaagagccg ttgctgtttg tttttgggag 1260
agagctttta aagaatgcat gtttttttcc tgggtggaat tgagtaggaa ctgaggctgt 1320
gcttcaggta tggtaacaatc aagtggggga ttttcatgct gaaccattca agcctcccc 1380
gcccgttgca ccacttttg ctggcgtctg ctggagagga tgtctctgtc cgcattccc 1440
tgcagctcca ggctcgcgca gttttctctc tctccctgga tgttgagtct catcagaata 1500
tgtgggtagg ggttgacgt gcacgggtgc atgattgtgc ttaacttggg tgtatttttc 1560
gatttgacat ggaaggcctg ttgctttgct cttgagaata gtttctctgt tccccctc 1620
aggcctcatt ctttgaacat caactctgaa gtttgataca gataggggct tgatagctgt 1680
ggtccccctc cccctctgac tacctaaaat caatacctaa atacagaagc cttggtctaa 1740
cacgggactt ttagtttgcg aagggcctag ataggagag aggtaacatg aatctggaca 1800
gggagggaga tactatagaa aggagaacac tgcctacttt gcaagccagt gacctgcct 1860
ttgaggggac attggacggg ggcggggggc ggggggtggg tttgagctac agtcatgaac 1920
ttttggcgct tactgattcc tccaactctc caccaccaca aataacgggg accaatat 1980
ttaactttgc ctatttgtt ttgggtgagt tccccctc cttattctgt cctgagacca 2040
cgggcaaaag tcttcatttt gagagagaag aaaaactgtt tggaaccaca ccaatgat 2100
```

```

ttttctttgt aatacttgaa atttattttt ttattatttt gatagcagat gtgctatttta2160
tttattttaat atgtataagg agcctaaaca atagaaagct gtagagattg ggtttcatttg2220
ttaattgggtt tgggagcctc ctatgtgtga cttatgactt ctctgtgttc tgtgtattttg2280
tctgaattaa tgacctggga tataaagcta tgctagcttt caaacaggag atgccttttca2340
gaaatttgta tattttgcag ttgccagacc aataaaatac ctggttgaaa tacaaaaaaaa2400
aaa
2403

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 25:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2517 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

## (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

## (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

## (iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 25

```

cagagtga aa ccttgtgcct ggtgacaaaa gtccctccaa agtgcctctt cttctggggt 60
attcaagcca aatatctggg ttccccctc tctcattcc ctagcaaaacc ccaattatct 120
tccaagatag gagatatttc ccatccccct ctttgtaaa tatctcatct cccactggag 180
agcccaggag cctattcctg gcatggatgt tctgtccaca cttgaggctg ggcgggtgat 240
cagacccttc aagcagcctg gctggggccc aggactgagt ctgggggtcag ctttcacggt 300
cgcttttccc ttcgtcacca cccaccacag cccaccttgc atgcatggcc agcccctcca 360
ctccagcctg agccatgtgt gcccctgctg gaggacccat tcatgccaga aagctggtaa 420
ctccctccca gcatccctgc ggaaggagtc agtttctgag agtgtgactt ttcaaggcga 480
atgatgggga agggttcccc agtccccaca gtggccccac ctctggggccc tgcaccagag 540
cccttctgtg tcacggcggg ctgtgcaccc atgcacacac ctacgcacac acaacactcc 600
gcactgcagt atattcttgc caaagatttc ctttaaaagc aagcactttt actaattatt 660
atthtga aa tgtttatctt cttctgtctt ctccctccct gaattctatt tactgttgtt 720
tattgttgaa tctgtgtgtc agccaggaga gcgtgtctg gccttgaaca tgggctggga 780
tgggaaaggg tctgggagaa gatgggcaac aaagagccag ggagtcattg acatgcagc 840
gacgcagacc ccagcaggtt cagtcccgtg ctgccaccag ctgtccagct ggggtgtctg 900
agggaaagagg gcagaggagg gtcattgtccc ttcagctggg ggagggggccc agtgagctcc 960
acgtggcttt ttcccaaagg gagcaagagg gaaggattgg gcgagaaaac aatggagagg 1020
ggacctgcga aggaaaacag ggaggaagtg agcggtttga tcagcctgct atcacgggtg 1080
tctggctctc ttatttagcc aggcgtttaa gggacagata catcacatcc taagtttggg 1140
aaaggccttt gacctatgtc atctgagcgt ctctccagt agctctgaaa gctgtggaca 1200
ccaatggcca ggattccttc tcccctgggt tttgaggatc cctgggtctt ctgagactgg 1260

```

```

ccaggagagg gatggtgggg ccagtgggtg tgtgaaagca ggaggggcag cctcctggai320
caagtgtgat cccctataaa acggctctca ggaggttagt gagtaggaga ttctgccttg1380
ttctgatgag cctgtgcagg ggctccaggg gagcatgctg tccagggggc acagaagggt1440
ggtgagtgat atcaaatcta gtctcactcc cactttttag tctcactcct acttttgtecl500
accacccctg cctcctggat cttctccac ttttttttc agcttttagga cctggggaga1560
tcctgtgagt caaggcagac acccaatcct gccccacac tcggggtcct ccaagagggt1620
ggggggcaga gtcccagagc agccctttac ccaggtcca ggccctgaa tcctgagact1680
cgcggttctt tggccagtgg taacacagga cgtgtgtgcg catgtgcaag tgtggatgta1740
tgtgtgtgcg tgtgttttgc tcatttctt agggaaactg ggagtcgggg ttggagggtgc1800
tgggcaatgg aacttcaaata tcaatgtcgc ccagcagtga ggggagtcgg gaggtgaggcl860
ctgtaggcca accaattggt ggagtctcag cgataccag gtgagaagtg gttcaccag1920
aggggcaggg tgggggcctc gggcagatct gtccctcttg gccctctgt cctcaaagt1980
ccaaaatgtt ggaggacctc tgttcatatc ccacgcctgg gctcttgcca gcagtggagt2040
tactgtagag ggatgtccca agcttgtttt ccaatcagt ttaagctgtt tgaaactctc2100
ctgtgtctgt gttttgtttg tgcgtgtgtg tgagagcaca tcagtgtgtg caggctgtgt2160
ttccccattt ctctcctccc ttcagaccca tcattgagaa caaatgtaag aaatcccttc2220
ccaccacct cctgcctcc caggccctct gcgggggaaa caagatcacc cagcatcctt2280
ccccacccca gctgtgtatt tatatagatg gaaatatact ttatattttg tatcatcgtg2340
cctatagccg ctgccaccgt gtataaatcc tgggtgtatgc tccttatcct ggacatgaat2400
gtattgtaca ctgacgcgtc cccactcctg tacagctgct ttgtttcttt gcaatgcatt2460
gtatggcttt ataaatgata aagttaaaga aaactcaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaa 2517

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 26 :

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1668 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

### (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

### (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

### (iii) ANTI-SENSE: NEIN

### (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

### (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

### (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 26

```

gtatgccctc agaatcacga caactgttgc atgtaacatg gatctgtcta aatacccat 60
ggacacacag acatgcaagt tgcagctgga aactggggct atgatggaaa tgatgtggag 120
ttcacctggc tgagagggaa cgactctgtg cgtggactgg aacacctgcg gcttgcctcag 180
tacaccatag agcggtatct cacccttagtc accagatcgc agcaggagac agggaaattac 240
actagattgg tcttacagtt tgagcttcgg aggaatgttc tgtatttcat ttgggaaacc 300
tacgttcctt ccactttcct ggtgggtgtg tcctgggttt cattttggat ctctctcgat 360
tcagtcctctg caagaacctg cattggggac aacaaaggaa gtagaagaag tcagtattac 420

```

```

taatatcatc aacagctcca tctccagctt taaacggaag atcagctttg ccagcattga 480
aatttccagc gacaacgttg actacagtga cttgacaatg aaaaccagcg acaagttcaa 540
gtttgtcttc cgagaaaaga tgggcaggat tgttgattat ttcacaattc aaaaccccag 600
taatgttgat cactattcca aactactggt tcctttgatt tttatgctag ccaatgtatt 660
ttactgggca tactacatgt atttttgagt caatgtttaa tttcttgcag gccataggtc 720
ttcaacagga caagataatg atgtaaatgg tatttttaggc caagtgtgca cccacatcca 780
atggtgctac aagtgactga aataatattt gagtctttct gctcaaagaa tgaagctcca 840
accattgttc taagctgtgt agaagtccta gcattatagg atcttgtaat agaaacatca 900
gtccattcct ctttcatctt aatcaaggac attcccatgg agcccaagat tacaatgta 960
ctcagggctg tttattcggg ggctccctgg tttgcattta cctcatataa agaatgggaal1020
ggagaccatt gggtaaccct caagtgtcag aagttgtttc taaagtaact atacatgttt1080
tttactaaat ctctgcagtg cttataaaat acattgtttc ctattttaggg agtaacatttt1140
tctagtttt gtttctggtt aaaatgaaat atgggcttat gtcaattcat tgggaagtcaal1200
tgcactaact caataccaag atgagttttt aaataatgaa tattatttat tcccacaaca1260
gaattatccc caatttccaa taagtcctat cattgaaaat tcaaatataa gtgaagaaaal1320
aattagtaga tcaacaatct aaacaaatcc ctcggttcta agatacaatg gattccccat1380
actggaagga ctctgaggct ttattccccc actatgcata tcttatcatt ttattattat1440
acacacatcc atcctaaact atactaaagc ctttttccca tgcattgatg gaaatggaag1500
atTTTTTTTT aactgtttct agaagtccta atatgggctg ttgccatgaa ggcttgcagal1560
attgagtccta ttttctagct gcctttatcc acatagtgat ggggtactaa aagtactggg1620
ttgactcaga gagtcgctgt ccagtcctgtc attgctgcta ctctaaca 1668

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:28:

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1768 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

### (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

### (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

### (iii) ANTI-SENSE: NEIN

### (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

### (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

### (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 28

```

ctccgaggcc aggaacgctc cgtctggaac ggcgcagact tttgccatgg gcttcatgac 60
gggcaccatt tccagtatgt accaaaccaa agccgtcatc attgcaatga tcatcactgc 120
ggtggtatcc atttcagtca ccattctctg ctttcagacc aaggtggact tcacctcgtg 180
cacaggcttc ttctgtgtcc tgggaattgt gtcctggtg actgggattg tcactagcat 240
tgtgctctac ttccaatacg tttactggct ccacatgctc tatgctgctc tgggggccat 300

```



```

ttgtttcacc ctgttctctgg cttacgacac acagctgggc ctggggaacc ggaagcacac 360
catcagcccc gaggactaca tcactggcgc cctgcagatt tacacagaca tcactctacat 420
cttcaccttt gtgctgcagc tgatggggga tcgcaattaa ggagcaagcc cccattttca 480
cccgatcctg ggctctccct tccaagctag agggctgggc cctatgactg tggctctgggc 540
tttaggcccc ttctcttccc cttgagtaac atgcccagtt tcctttctgt cctggagaca 600
gggtggcctct ctggctatgg atgtgtgggt acttgggtggg gacggaggag ctagggacta 660
actgttgctc ttgggtgggt tggcagggac taggctgaag atgtgtcttc tccccgccac 720
ctactgtatg acaccacatt ctctctaaca gctggggttg tgaggaatat gaaaagagcc 780
tattcgatag ctagaaggga atatgaaagg tagaagtgac ttcaaggtea cgaggttccc 840
ctcccacctc tgtcacaggc ttcttgacta cgtagtggga gctatttctt ccccagcaa 900
agccagagag ctttgtcccc ggctctctgg acacataggc cattatcctg tattcctttg 960
gcttggcctc ttttagctca ggaaggtaga agagatctgt gcccattggg ctctctgtct 1020
caatcccttc ttgtttcagt gacatatgta ttgtttatct gggttaggga tgggggacag 1080
ataatagaac gagcaaagta acctatacag gccagcatgg aacagcatct cccttgggct 1140
tgctcctggc ttgtgacgct ataagacaga gcaggocaca tgtggccatc tgctcccat 1200
tcttgaaagc tgctggggcc tccttgagg cttctggatc tctggtcaga gtgaactct 1260
gcttctctgta ttcaggcagc tcagagcaga aagtaagggg cagagtcata cgtgtggcca 1320
ggaagttagc aggggtgaaga gagactcggg gcgggcaggg agaatgcctg ggggtccct 1380
acctggctag ggagataccg aagcctactg tggtagtgaa gacttctggg ttcttctct 1440
ctgctaaccg agggagggtc ctaagaggaa ggtgacttct ctctgtttgt ctttaagtgc 1500
actgggggat ttctgacttg aggccatct ctccagccag ccactgcctt ctttgaata 1560
ttaagtgcct tgagctggaa tggggaagg ggacaagggt cagtctgtcg ggtgggggca 1620
gaaatcaaat cagcccaagg atatagttag gattaattac ttaatagaga aatcctaact 1680
atatcacaca aagggatata actataaatg taataaaatt tatgtctaga agttaaaaaa 1740
aaaaaaaaa gtaaaattaa tttgtgtt

```

1768

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 29 :

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 3479 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 29

```

ccaggagaca ccttcggccc agatggaagg ctctctcaat cggaacacg agtgggaggc 60
ccacaataag aaagcctcaa gcaggctcctg gcacaatgtt tattgtgtca taaataacca 120

```

agaaatgggt ttctacaaag atgcaaagac tgetgcttct ggaattccct accacagcga 180  
ggccccgtg agtttgaaag aagctgtctg cgaagtggcc cttgattaca aaaagaagaa 240  
acacgtattc aagctaagac taaatgatgg caatgagtag ctcttccaag ccaaagacaa 300  
agagaagcgg ttcagccctt ttggcaaaaa gaaatgaact ccttccctc acctcctgcc 360  
cttctcttac cttttcagtc aaactccagc acgcaagctc attgacacaa gaacacagat 420  
tcttgccgct tcctatgaac tgcacaagtt ttaccacgat gccaaaggaga tctttgggcg 480  
tatacaggac aaacacaaga aactccctga ggagcttggg agagatcaga acacagtggg 540  
gaccttacag agaatgcaca ctacatttga gcatgacatc caggctctgg gcacacaggt 600  
gaggcagctg caggaggatg cagcccgccct ccaggcggcc tatgcggtg acaaggccga 660  
cgatatccag aagcgcgaga acgaggtcct ggaagcctgg aagtcctctc tggacgcctg 720  
tgagagccgc aggtgcggc tgggtggacac aggggacaag ttccgcttct tcagcatggt 780  
gcgcgacctc atgctctgga tggaggatgt catccggcag atcgaggccc aggagaagcc 840  
aagggatgta tcatctgttg aactcttaat gaataatcat caaggcatca aagctgaaat 900  
tgatgcacgt aatgacagtt tcacaacctg cattgaactt gggaaatccc tgttggcgag 960  
aaaacactat gcatctgagg agatcaagga aaaattactg cagttgacgg aaaagaggaa1020  
agaaatgata gacaagtggg aagaccgatg ggaatggtta agactgattc tggaggtcca1080  
tcagttctca agagacgcca gtgtggccga ggcttggctg cttggacagg agcgtacct1140  
atccagccga gagataggcc agagcgtgga cgaggtggag aagctcatca agcgccacga1200  
ggcatttgaa aagtctgcag caacctggga tgagaggttc tctgccctgg aaaggctga1260  
tacattggag ttactggaag tgcgcagaca gcaagaggaa gaggagagga agaggcgcc1320  
gccttctccc gagccgagca cgaaggtttc agaggaagcc ggtgaacagg gatctccacg1440  
tacttcaaaa ggagaacaag tttcccaaaa cggtttgcca gctacagaac aaaggacgag1500  
gatggcagaa acggtggaca caagcgaat ggtcaacggc gctacagaaac agactgccct1560  
ctctaaagag tccagcccca tccccctccc gacctctgat cgtaaagcca agactgccct1620  
cccagcccg agtgccgcca ccttaccagc cagaaccag gagacacctt cggcccagat1680  
ggaaggcttc ctcaatcgga aacacgagtg ggaggccac aataagaaag cctcaagcag1680  
gtcctggcac aatgtttatt gtgtcataaa taaccaagaa atgggtttct acaaagatgc1740  
aaagactgct gcttctggaa ttccctacca cagcgaggtc cctgtgagtt tgaaagaagc1800  
tgtctgcgaa gtggcccttg attacaaaaa gaagaaacac gtattcaagc taagactaaa1860  
tgatggcaat gagtacctct tccaagccaa agacgatgag gaaatgaaca catggatcca1920  
ggctatctct tccgccatct cctctgataa acacgaggtg tctgccagca cccagagcac1980  
gccagcatcc agccgcgcgc agacctccc caccagcgtc gtcaccatca ccagcgagtc2040  
cagtcctggc aagcgggaaa aggacaaaga gaaagacaaa gagaagcggg tcagcctttt2100  
tggcaaaaag aaatgaactc ctttccctca cctctgccc ttctcttacc ttttcagtga2160  
aattccagca tgcaagctca gaaccaacac attactctct gtgcctaag ttccctcaatg2220  
tgggtgattt tttttttttt ttaatttata gagcatttcg ggggggggtg gggaaacaca2280  
cctaaacact ttatctccaa gttacaaaag tttgaggtgc agaggggaagg ccagattttt2340  
tttttaataa aattatatag attagatctc agtattttaa ctgttctca attttgtgag2400  
gctgtgttgg aaataacccg cctctagtgc tgttggtag caaggcagcg gtgcttaatc2460  
aatatttctt gtgctcacca gaggcaaat gtaccaatat cctgacacca ttctctctcc2520  
atttacttct ggtggttacc ctgactcttg actcttagaa gtgcccagaa tggggctaac2580  
ctttattaaa cagatcgcat attatgatct tgctgcagcc acagtgcagc tccacattaa2640  
ctctacagac caaaccattt gtatctggca tcacttacta acacacgaca tgcggctttt2700  
ctgcatcaac tgctatgacg gtttaagaat tcagtataca agaaggaata gaaaactgat2760  
actgttttaa ataactgtta atttcaattt ttttttttt gctgaaatac attatatgt2820  
acgtttgaga taattctagt acaaagtata ataaaactag atgtataata aaccttttaa2880  
atcattggta agtggtacaag tgggtggaact gaagcattta ctggacaaag taatgttact2940  
ctaattggta cttgctcgtg cgttgccaca ctgtgttata atttgcttca tttccttgct3000  
atttgataca tagtgtgcat ttctctgtca ctgtaactat tgtaatgaca aattttcatc3060  
ttactgcaca atcaaaatga cattgatagg aatgaactcc agaggctggg cctgaacagg3120  
gagggtggtc ctcaggcctg gtgctcagtc gtacgacctg tacctctcaa cttttgccct3180  
atctgttaaa tatatgctat gtcattaaat gcttttaaat ctaaaaaaa aaaaagtgt3240  
tgttcttctt ctgctgcgtg tgcattgcca gtagggaaac tgcaaagggg agaaatgaca3300  
aacaagaaac attttacaac cagtctgggc tcacttttgc attttttatg catgtctggt3360  
gcacaagctt tgaaaactac agcaaacagt aataaatgtg actgttttgt agttataaga3420  
gagaaaaaaa agaaaaaaga ggaaaaaaaa agaaagagga ggagagaac 3479

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 30:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 933 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 30

```

gctcctccct tccttctttt tacatttttag tcttagcatt tactttcccc accccacatt 60
cttgaacag ccttagttc tacaggaaat ggcactgatg gacagaagac tagcattacc 120
ttcatgaaag ggctgttaga gctgcctggg aagaaggcgt gccttgggga actgggaaga 180
tgccgtcagt gtgggtgggc aggaggacag ccagtcgtcc tgctgccagc ccaatagctt 240
ccagcggcag gtgcccaggt gctaccggag cccctcatag gggtaggggc agggactgca 300
cctcctccag gcactcatcg taagcctcct ggtactcctc atggggcttg accattatca 360
cacaggtggg gcgcttggga cctgcggctg caccaggtc cgttcagagg ggaaagaagt 420
gctgtttgga aaaaagctgt acaacctgta tgccaggaag tcaccaactg atgaccacc 480
agcctaactt ggcccacaac catgttctgt tcggtccatg ttctatttaa aagcatcttg 540
aattggttgc catcatttaa actcaatcag actttgaagg catggtccag ccacacaggg 600
cctacattcc cacatggcaa ctatgaaagg gctccagccc agcaggggct gtcccggctc 660
ctgccacccc cacttcctgt gcctcagatc tggccctgtg tacgtaagat aaggacagct 720
acaggtccct ctgagcctaa acccacctaa ccggactaac atgggtgaag atcttagctt 780
acaaagctct ttcacatata tctatctctt tattctcata gtccacagat aactgactat 840
ttggttctta ccatcaggcc aaacggtaag ttccttcaga acagggcctc ctgctttatc 900
ccaagaagtg ataatgtagg tacccaagat cca 933

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 31:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2783 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung

hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 31

```
gactttaaaa aaatttttac agttattttt attttgtaga atgagctgaa agccagtggg 50
ggcgaaatca aaattcataa aatggagcaa aaggagaatg tgccccccagg tccctgagggtc 120
tgcattcacc atcaggaagg ggaaaagatt tctgcaaag agaatagcct ggcagtcctgt 180
tccaccctct ccgaagatga ctcccgtgac tcccagggtt agagtggagt tcaacagcct 240
gtccatccca agccactaag tccagattcc agagcctcca gtctttctga aagttctcct 300
cccaaagcaa tgaagaagtt tcaggcacct gcaagagaga cctgcgtgga atgtcagaag 360
acagtctatc caatggagcg tctcttgccc aaccagcagg tgtttcacat cagctgcttc 420
cgttgctcct attgcaacaa caaactcagt ctaggaaacat atgcatcttt acatggaaga 480
atctattgta agcctcactt caatcaactc tttaaatcta agggcaacta tgatgaaggc 540
tttgggcaca gaccacacaa ggatctatgg gcaagcaaaa atgaaaacga agagattttg 600
gagagaccag cccagcttgc aaatgcaagg gagaccctc acagcccagg ggtagaagat 660
gccctatttg ctaagggggg tgtcctggct gcaagtatgg aagccaaggc ctctctcag 720
caggagaagg aagacaagcc agctgaaacc aagaagctga ggatgcctg gccaccccc 780
actgaacttg gaagttcagg aagtgccttg gaggaaggga tcaaaatgtc aaagcccaaa 840
tggcctcctg aagacgaaat cagcaagccc gaagttcctg aggatgtcga tctagatctg 900
aagaagctaa gacgatcttc ttcactgaag gaaagaagcc gccattcac tgtagcagct 960
tcatttcaaa gcacctctgt caagagccca aaaactgtgt cccacctat caggaaaggc 1020
tggagcatgt cagagcagag tgaagagtct gtgggtggaa gagttgcaga aaggaacaal 1080
gtggaaaatg ccaaggcttc taagaagaat gggaaatgtg gaaaaacaac ctggcaaac 1140
aaagaatcta aaggagagac agggaagaga agtaagggaag gtcatagttt ggagatggag 1200
aatgagaatc ttgtagaaaa tgggtgcagac tccgatgaag atgataacag ctctctcaaa 1260
caacaatctc cacaagaacc caagtctctg aattggtcga gttttgtaga caacaccttt 1320
gctgaagaat tcaactactc gaatcagaaa tcccaggatg tggaactctg ggaggagaal 1380
gtgtgcaaa agctctctgt ggaagaacag ataaagagaa atcgggtatta tgatgaggat 1440
gaggatgaag agtgacaaat tgcaatgatg ctgggcctta aattcatgtt agtgtagcgl 1500
agccactgcc ctttgtcaaa atgtgatgca cataagcagg tatcccagca tgaaatgtaal 1560
ttactttgga agtaactttg gaaaagaatt ccttcttaaa atcaaaaaca aaacaaaaal 1620
acacaaaaaa cacattctaa atactagaga taactttact taaattcttc attttagcag 1680
tgatgatatg cataagtgtc gtaaggcttg taactgggga aatattccac ctgataatag 1740
cccagattct actgtattcc caaaaggcaa tattaaggta gatagatgat tagtagtata 1800
ttgttacaca ctattttgga attagagaac atacagaagg aatttagggg cttaaacatt 1860
acgactgaat gcactttagt ataaagggca cagtttgtat atttttaaat gaataccaat 1920
ttaattttt agtattttacc tgtaagaga ttatttagtc tttaaatttt ttaggttaat 1980
ttcttgctg tgatatatat gaggaattta ctactttatg tctgtctctc taaactacat 2040
cctgaactcg acgtcctgag gtataatata acagagcact ttttgaggca attgaaaaac 2100
caacctacac tcttcggtgc ttagagagat ctgctgtctc ccaaataagc ttttgatatc 2160
gccagtgaat ttaactgtact ccaaagtatt gctttctttt ctgggtgatc ctgtgcttct 2220
cataattact gaaagctgca atattttagt aataccttcg ggatcactgt ccccatctt 2280
ccgtgttaga gcaaagtgaag gagtttaaaag gaggaagaag aaagaactgt cttacaccac 2340
```

```

ttgagctcag acctctaaac cctgtatttc ccttatgatg tccccctttt gagacactaa2400
tttttaaata cttactagct ctgaaatata ttgattttta tcacagtatt ctcaggggtga2460
aattaaacca actataggcc tttttcttgg gatgattttc tagtcttaag gtttggggac2520
attataaact tgagtacatt tgtgttacac agttgatatt ccaaattgta tggatgggag2580
ggagaggtgt cttaaagctgt aggccttttct ttgtactgca tttatagaga tttagcttta2640
atatttttta gagatgtaaa acattctgct ttcttagtct tacctagtct gaaacatttt2700
tattcaataa agattttta taaaatttga aaaaaaagga aaggggaggg ggggtggagg2760
aaaaaaaaa gggcggccgc cgc

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 32:

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 3411 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

### (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

### (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 32

```

gaagctctgt tgtctcggga acatgtcttg gaattggaga acagcaaggg cccagcctg 60
gcctcttttag agggggaaga agataagggg aagagcagct catcccaggt ggtggggcca 120
gtgcaggagg aagagtatgt agcagagaag ttgccaaagta ggttcatcga gtcggctcac 180
acagagctgg caaaggacga tgcggcgcca gcacccccag tcgcagacgc caaagcccag 240
gatagaggtg tcgaggggaga actgggcaat gaggagagct tggatagaaa tgaggagggc 300
ttggatagaa atgaggaggg cttggataga aatgaggaga gcttggatag aaatgaggag 360
ggcttggata gaaatgagga gattaagcgg gctgccttcc agataatctc ccaagtgtac 420
tcagaagcaa ccgaacaggt gctggccacc acggttggca aggttgcagg tcgtgtgtgt 480
caggccagtc agctccaagg gcagaaggaa gagagctgtg tcccagttca ccagaaaact 540
gtcttgggccc cagacactgc ggacctgcca cagcagaggc agctgttgcc ccgccggatg 600
ctggcctccc cttgccaggc ctaccagcag agggctcacc accaccaaag acctacgtga 660
gctgcctgaa gagccttctg tccagcccc ccaaggacag taagccaaat atctctgcac 720
accacatctc cctggcctcc tgccctggcac tgaccacccc cagtgaagag ttgccggacc 780
gggcaggcat cctggtggaa gatgccacct gtgtcacctg catgtcagac agcagccaaa 840
gtgtcccttt ggtggcttct ccaggacact gctcagattc tttcagcact tcagggcttg 900
aagactcttg cacagagacc agctcgagcc ccagggacaa ggccatcacc ccgccactgc 960
cagaaagtac tgtgcccttc agcaatgggg tgctgaaggg ggagttgtca gacttggggg 1020
ctgagggatg atggaccatg gatgcggaag cagatcattc aggaggttct gacaggaaca 1080
gcatggattc cgtggatagc tgttgcagtc tcaagaagac tgagagcttc caaatgccc 1140

```

```

aggcaggctc caaccctaag aaggtegacc tcatcatctg ggagatcgag gtgccaaagc1200
acttagtcgg tcggctaatt ggcaagcagg ggcgctatgt gagttttctg aagcaaacat1260
ctgggtgccaa gatctacatt tcaaccctgc cttacacca gagcgtccag atctgccacal320
tagaaggctc tcaacatcat gtagacaaag cgctgaactt actgggaag aagttcaaag1380
agctgaacct caccaatata tacgtctccc cattgccttc actggcactg ccttctctgc1440
cgatgacatc ctggtcatg ctgctgatg gcatcaccgt ggaggtcatt gtggtcaacc1500
aggtcaatgc cgggcacctg ttctgtcagc agcacacaca ccctaccttc cagcgctgc1560
gcagcctcga ccagcagatg tacctctgtt actctcagcc tggaatcccc acctgccc1620
ccccagtggg aataacgggc atctgtgccg cccctgggtg ggacggggcc tgggtggcag1680
cccaagtggg tgccctctac gaggagacca acgaagtggg gattcgatac gtggactacg1740
gcggatataa gagggtgaaa gtagacgtgc tccggcaaat cagggtctgac tttgtcaccc1800
tgccgtttca gggagcagaa gtccttcttg acagtgtgat gccctgtca gacgatgacc1860
agttttcacc ggaagcagat gccgccatga gcgagatgac ggggaatata gactgcttg1920
ctcaggtgac aaagtacagt ccaactgggc ttctctgat tcagctgtgg agtgtggttg1980
gagatggaag ggtgttgata aaccgggtcc tgggtggagc aggccttgcc cagtgggtag2040
acagctacta cacaagcctt tgacccccat gctgcttctt gagagtcttt tttgcaactg2100
ttgaaattgg gcttggcact caagtcaaag atgaacatcg gaataacaaa cattgtctct2160
tccagaaaag cctttctttc tccatactgt agtcctattg agaagacatt tctgtctctga2220
gaaaaaagga tggaactatg ggttctcttc gcaaagccaa aggatagtgt ttaacaagcc2280
agctggctta tcttggttct cagctgtttc aaccagattg tctattccc cctgttccat2340
tcccccttct tctctctat ctcttctccc ggcaaaaacc aaacaaactg gcagacaggc2400
cagggatgta tgttgcttgc ttgagagggt ttcttttact tcaaaatctt tcttcaggga2460
gcaagacatg aactgactaa ttggtatcca ctacttgtag agcttacata aatgagttga2520
tgatatttaa ccagttttta taaacttcat ttaggctctt aaacacagac tttttaaat2580
gcaactgtaa atatgaaatg gtcacacat ctgaccttgg tcagtgggga ggggaactgg2640
tatcttgcca agcctgggtg taatttgtaa ccattttcta tttgtgcaaa ctctgtaaat2700
atgtgtttta acaaatgtaa tattttgtac aagatacact ggagaacaaa ggggaactcaa2760
gattcttcca gccacatgtc acctgtaggt agaagtaaac tctgcagtgc agcttctgct2820
cttggccctc ctggccaggg cccctgtggc ttctgcaca ctggacaggt gactgtatgg2880
tagagactgt gatctgggaa ctttttgctg tacaaatctg tttaaaaaaa agagtgtatg2940
atatttaacc agtttttata aacttcattt aggtctctaa acacagactt tttaaaattg3000
caactgtaaa tatgaaatgg tcatcacatc tgaccttggg cagtggggag ggggaactgg3060
atcctgccaa gcctgggtgt aatttgtaac cattttctat ttgtgcaaac tctgtaataa3120
tgtgttttaa caaatgtaat attttgtaac agatacactg gagaacaaag ggaactcaag3180
attcttccag ccacatgtca cctgtaggta gaagtaaact ctgcagtgca gcttctgctc3240
ttggcccttc tggccagggc cctgtggct tcctgcacac tggacaggtg actgtatgg3300
agagactgtg atctgggaac tttttgctgt acaaaaagta actcattgaa ttaacttgca3360
gtggtgtgtt tgattctttt ttagactggc ttcagcattg tgcagtttaa a 3411

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 33 :

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1393 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 33

```
gaagaagaga aaaaagaggt gatgcttcag aatggagaga cccccaagga cctgaatgat 60
gagaaacaga agaaaaatat taaacaacgt ttcatgttta acattgcaga tgggtggttt 120
actgagttgc actccctttg gcagaatgaa gagcgggcag ccacagttac caagaagact 180
tatgagatct ggcatcgacg gcatgactac tggctgctag ccggcattat aaaccatggc 240
tatgcccggt ggcaagacat ccagaatgac ccacgctatg ccacccctca tgagcctttc 300
aagggtgaaa tgaaccgtgg caatttctta gagatcaaga ataaatttct agctcgaagg 360
tttaagctct tagaacaagc tctggtgatt gaggaacagc tgcgcggggc tgcttacttg 420
aacatgtcag aagacccttc tcacccttcc atggccctca acaccgctt tgctgaggtg 480
gagtgtttgg cggaaagtca tcagcacctg tccaaggagt caatggcagg aaacaagcca 540
gccaatgcag tctgcacaa agttctgaaa cagctggaag aactgctgag tgacatgaaa 600
gctgatgtga ctcgactccc agctaccatt gcccgaaatt ccccagttgc tgtgaggtta 660
cagatgtcag agcgtaacat tctcagccgc ctggcaaacg gggcaccgga acctaccca 720
cagcaggtag cccagcagca gtgaagatgc agactgatac cacctccacc gctgagcagt 780
gaccttcttc actttctctt gtcccagctt ctcccctggg ggccctgagag accctcacct 840
tcctttctgc catcttccat gttgtaaagg aacagcccca gtgcactggg ggaggggagg 900
gagtgagggg cagtgggtgc cttcctgcag aagagacatg cagcagtagc gctggcgcca 960
tctgcaggag ctggcgggct ggccctcttg accctggctt ctcccactg taacgcctgt 1020
tacacacaaa ctgttgtggg ttcttgccag gcttgaagaa aatgatctga atttttcct 1080
ccttttggtt ttattttggt ggtttatatt gtgttttctt ttctcctttt tggggggtat 1140
tcagagttgg ctgggcccct gggcgagaca cagctacctc tgttggcatc tttttaatac 1200
caggaaccca gcggtcttag ccactgagcg gctaaatgaa ataaagtgga aaaaaaaaaa 1260
aaggaaaaaa ccaaaagcat aaaaaaccac agcaaatttc ttgatgaaaa ttgaaaaata 1320
aagtttcctt gtattttaaa aagggaaaaa gaaggaaaaa aaggagaggg aaaaaggagg 1380
gggggagagg agt 1393
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 34:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
(A) LÄNGE: 1236 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 34

```
gtggggccacc cctaatacact attgcttccct aaagggtattt tcacctctctt cgccctggtag 60
agccctcaca gctcttcaga gcaagcactg gactacaagg gcatgggtca caaaagggtta 120
atggatgggg gttacctagc cctggctaata tcccttcca ttcccaactc tctctctctt 180
tttgaagaaa aatgctaagg gcagccctgc ctgccctccc catccccgc tgtaaataata 240
cactatTTTT gatagcacac atggggcccc catatctctt ggccctgggt ttgatgttga 300
aatcctggcc ttgggagaga tgccttccag gcagacacag ctgtctgggt caggccaagc 360
ccctttgcaa tgcaagccct ttctgggtgt atgaagtccc tctatgtcgt cgttttcacc 420
agcaactggt gactgtccct tcgacacgga cctgctttga gatttcctga cagggaagag 480
atctctgtcc attttttcc tgtgcctaac agcataattg ccttttccca tgtaaataatt 540
atgatggtgg atcaagacat aagtaaatga gcctttctgc ctcacatcag ccctgtgtat 600
aaagccatta ttctctgatg cactgtttgc cccagtaact cactttaaaa cctctctttc 660
cagtgttccc tctctccctc cagggccact gcttgaagaa gaatatgtat gtttctatct 720
tgtatgtctg tgtgcccctc ctgccccgaa agtgctgact atggggaaat cttttagctg 780
ctgttttttag actccaagga gtggaaatta tgtggaagaa gcaaacctga tacaatttgc 840
ccaaggtaaa cagtttgaaa agacaaatgg gcctgccaaa ctgtacagtt tcttcccaaa 900
gagctgttag gtatcaaaat gttgtccttt cccccctccg tgcttttctg gttgagatca 960
tgtcattgat gaactgccaa agtcagggga ggagggcaga gactttgtgt ttacatctgc 1020
atctctacat gtttttagaca gagacaattt aaggcctgca ctcttatttc actaaagaaa 1080
aactaatgtc agcacatgtt gctaatagaca gtggattttt ttttaaataa aaaagtttac 1140
agatcaaatg tgaaataaat atgaatggag tggctctctt gtctgttatc tgagttttca 1200
aaagctttaa gactctggga acatctgatt ttatgg 1236
```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 35:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 749 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library



## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 35

```

ggagatgcag aggtaaaagt gtgagcagtg agtttacttt tcaaggcatc ttagcttcta 60
ttatagccac atccctttga aacaagataa ctgagaattt aaaaataaaa aaatacataa 120
gaccataaca gccaacaggt ggcaggacca ggactatagc ccaggtcctc tgatacccag 180
agcattacgt gagccaggtg atgagggact ggaaccaggg agaccgagcg ctttctggaa 240
aagaggagtt tcgaggtaga gtttgaagga ggtgagggat gtgaattgcc tgcagagaga 300
agcctgtttt gttggaaggt ttggtgtgtg gagatgcaga ggtaaaagtg tgagcagtga 360
gttacagcga gaggcagaga aagaagagac aggagggaaa gggccatgct gaagggaacct 420
tgaagggtaa agaagtttga tattaaagga gttaagagta gcaagttcta gagaagaggc 480
tggtgctgtg gccagggtga gagctgctct ggaaaatgtg acccagatcc tcacaaccac 540
ctaactcaggc tgaggtgtct taagcctttt gtcacaaaaa cctggcacia tggctaattc 600
ccagagtgtg aaacttccta agtataaatg gttgtctgtt tttgtaactt aaaaaaaaaa 660
aaaaaagttt ggcgggtgc ggtggctcac gcctgtaatc ccagcacttt gggaggccaa 720
ggtgggggga tcacaaggtc actagatgg 749

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 36:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1251 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

## (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

## (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

## (iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 36

```

gtgaccccc taggcctgag gcttgtgcag gcagtgggag tggggtaagg ctctctgatg 60
ccccctgtcc ctgccagaa cctgatggcc ctcatatgct ctgggctctt atcttggaa 120
cacaggcgct gacagccgtc ccagcccttc tgtctgcggg cctgaaccaa acggtgccat 180
ggggaactgt ctgcacaggg cggagtctcc cctcaactg agaactcaag tcagctggac 240
ttcgaagatg tatggaattc ttcctatggt gtgaatgatt ccttcccaga tggagactat 300
gatgccaacc tggaaagcagc tgccccctgc cactcctgta acctgctgga tgactctgca 360
ctgcccttct tcactcctcac cagtgtcctg ggtatcctag cttagcagcac tgcctcttc 420
atgcttttca gacctctctt ccgttgagc ctctgccctg gctggcctgt cctggcacag 480
ctggctgtgg gcagtgcctt cttcagcatt gtggtgccc tcttggccc agggctaggt 540
agcactcgca gctctgcctt gtgtagcctg ggctactgtg tctggtatgg cttagccttt 600
gccaggcctt tgctgctagg gtgccatgcc tccttgggcc acagactggg tgcaggccag 660

```

```

gtcccaggcc tcaccctggg gctcactgtg ggaatttggg gagtggctgc cctactgaca 720
ctgcctgtca ccttggccag tgggtgcttct ggtggactct gcaccctgat atacagcacg 780
gagctgaagg ctttgcaggc cacacacact gtagcctgtc ttgccatctt tgtcttgttg 840
ccattgggtt tgtttggagc caaggggctg aagaaggcat tgggtatggg gccaggcccc 900
tggatgaata tcctgtgggc ctggtttatt ttctgggtggc ctcatggggg ggttctagga 960
ctggatttcc tggtaggttc caagctgttg ctggtgtcaa catgtctggc ccagcaggct 1020
ctggacctgc tgcgaacct ggcagaagcc ctggcaattt tgcactgtgt ggctacgccc 1080
ctgctcctcg cctattctg ccaccaggcc acccgacccc tcttgccctc tctgccccct 1140
cctgaaggat ggtcttctca tctggacacc cttggaagca aatcctagtt ctcttcccac 1200
ctgtcaacct gaattaaagt ctacactgcc tttgtgaaaa aaaaaaaaaa a 1251

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 37:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 3283 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 37

```

ctggcctcag caccttcag aactggttac ctagtacccc cgccacctcc tggggtggac 60
tcaccagttc caggaccaca gacaatggtg gggagcagac tgccctgagc ccccaagagg 120
ccccgttctc tggcatctcc acgcccccg atgtgctcag ttaggccccg gagcctgcct 180
gggaagccgc agccactacc aagggccttg cgactgacgt ggcgacgttc acccaagggg 240
ccgccccagg caggaggagc acggggcttt tgaccaccac acacggcccc gaagaagccc 300
cacgcttggc aatgctgcag aatgagttgg aggggctggg ggacatcttc caccatga 360
atgcggagga gcaagctcag ctggctgcct cccagcccg gccaaagggtg ctgtcgggcg 420
aacaggggag ctacttcgtt cgtttagggtg acctgggtcc cagcttccgc cagcgggcat 480
ttgaacacgc ggtgagccac ctgcagcacg gccagttcca agccaggggac actctggccc 540
agctccagga ctgcttcagg ctgattgaaa aggccagca ggctccagaa gggcagccac 600
gtctggacca gggctcagg gccaagtgcg aggacgtgc tgtccaggag gagcgggatg 660
ccgggggttct gtcagggtc tgcggccttc tccggcagct gcacacggcc tacagtggcc 720
tggctccag cctccaggc ctgcccgcg agctccagca gccagtgggg cgggcgcggc 780
acagcctctg tgagctctat ggcatcggtg cctcagctgg ctctgtagag gagctgccc 840
cagagcggct ggtgcagagc cgcgagggtg tgcaccaggc ttggcagggg ttagagcagc 900
tgctggaggg cctacagcac aatccccgc tcagctggct ggtaggggcc ttcgccttgc 960

```

```

ccgctggcgg gca gtagctg taggagcctg caggcccggc gcgggggtcgc cctgctctgt1020
ccagggagga gctgcctcag aactttctcc ccgcccccaa acctggatcg gttccctaaa1080
gccctagacc ttgggggctg cagctggctg agcgccgagg ggctgcggag gcagtgacct1140
tcttaactga gccacccac gccctgctcc gggcctgect gcctctccca cctcctcccc1200
agcgtgcct gccctctcg gagcctggg tcactcagac caccagccaa gagccttccc1260
ttgaagtccc caagcaagca ctgcaattag gaaagagaaa aagcagcgtg cccagcctgg1320
aagggcacct gtttgccccg ctagcaaccc tttatatct agcagggtc tccagtcct1380
gcagcacggg cccccagcta tcagcgggtc aggcagtgt gtggcatccc aggcctcggg1440
cagctccgtt ctcatgctga aagtgggtct ccggccttag cacacacacc ttgagggtct1500
taagaaccac attccctcat agtagaaagt actagaaaaa gcgacactgc catcatcatc1560
ccaaggcagg ctgctactgc ctttgctgac ccccggggtg gcctcacggg ggggacaaag1620
ctgccaggag ccacagcagc cacagctggg gctttgcacc agcctggctt gagactgagc1680
agtgtgcagg ggggtggggg tgcaaaaaac aagcaaacag gctgctgctg cctccagctg1740
cccaccacag gcctgcccc ggcacctggg gctctgaggc ccctggggag gctggggccc1800
gcagctgccc ctggagaaca cagacaaagg acttccccgc agggaaactgt gccctatggg1860
gggatcagac agggctggga acagccacag aggtctgctg cctatggcac agccttctc1920
ccgcccgcaca ctccccctgg gtcctcaggc ccacccaagc gccgggctgc agaggaagcg1980
gggctgggga ggctgcaggc atcagagaca ctgggtgggtg cggaccggc cgccggggccc2040
cgtgctctca ggctagccca ggtcgtggag gctggcaggc tcaggctggg tgtgagactg2100
gccgtggctg cgtcagtc ccggtgggag agcgttccag cccggcctcc ccaggaagcc2160
atatccccac tcacccggta agagaacctt gtcgtccct ttccatgctc tcctaggaca2220
cgagcccagg aaccccagac ccagggggag gaagggtgga ggggccccag gggtcaccat2280
gtgcaccagg ggccgtgagg ggccggggca ttcagctcag ctctgaaccg gggaagctgg2340
cacggcaagg actgcctcag gtgacgggcc gtgagagggg acgggtcagg agccttccca2400
agccttctcc tcagcccag acccatggcc atcggaggct aggatgccag acacagccat2460
ttgcagaaat caggcacagt gactgcagct cacgtccagc caaccaagca tggggccgca2520
gctcaggaag tcccttccc ccacaccaca gcctaattct tactgggacg gaggcaactc2580
ggctacgtg ggcaggacga caaacacgag acgccactgt ggaatgagca acttcggagc2640
acggggtgac ttgcttggga ccgtgccac gtgacagccc cttatgcaga ggaggaaaga2700
gaagccccga gtgggagggg aacctgtcca aagtcacacg gtgtgtgggt gacacagctg2760
gggtgagtcg aggtggccc ctgaggccca tgctccctga acgctggaga ccactgtcgg2820
ctagcagcgg ctctcagga aggcctggtc tccaccctcc cagcctagcc tcgcggaacc2880
tcgtcctccc cacatcggac ctgctcacct gcctggacce tgggctgcca gatgcaggaa2940
gcacaaacc cccagcctc gtgggtgcgg ggcaggggcg aggcagcaca gcttagatgc3000
cctggtttgt cctcttgtc tcttgggaag agcttgctcc cgcccagctc tcttgccact3060
ggcctttcag ggttgggctg ggcccagagt gccttttagt cgcttctcac ggtggcctga3120
tggtcaacc cagtcacaaa cgggcccagt gacactgccg actgcacccc agctcaggcc3180
cccactgcac cagcaatgct agaaaaccaa gcccaataaaa gtgatttctt ttttcattaa3240
aaaaaagaaa aaaagagaca gaggaagtag atgctggccg ggc 3283

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 38 :

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2720 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 38

```
agaaaatagt ttcaagcaga ccatagccaa gatcaacttc aaagttttag attcagaaat 60
ggtggctggt gtgacggaca aatggtcccc gtggacctgg gccagctctg tgagggtctt 120
acctttccac ccgaaggaca tcatgggggc attcagccac tcagaaatgc agatgattaa 180
ccaatactgc aaagacactc ggcagcaaca tcagcagga gatgaatcac agaaaatgag 240
aggggactat ggcaagttaa aggccctcat caatagtcgg aaaagtagaa acaggaggaa 300
tcagttgccg gactcataat attttcttat gtgggtctta tgcttccatt aacaaatgct 360
ctgtcttcaa tgatcaaatt ttgagcaaaag aaacttgtgc tttaccaagg ggaattactg 420
aaaaaggtga ttactcctga agtgagtttt acacgaactg aaatgagcat gcattttctt 480
gtatgatagt gactagcact agacatgtca tggctcctcat ggtgcatata aatatattta 540
acttaaccca gattttatatt atatctttat tcaccttttc ttcaaaatcg atatggtggc 600
tgcaaaaacta gaattgttgc atccctcaat tgaatgaggg ccatatccct gtggtattcc 660
tttctgtgct tggggcttta gaattctaatt tgcagtgat tttgtatatg aaaacaagtt 720
ccaaatccac agcttttacg tagtaaaagt cataaatgca tatgacagaa tggctatcaa 780
aagaaataga aaaggaagac ggcatttaaa gttgtataaa aacacgagtt attcataaag 840
agaaaatgat gagtttttat ggttccaatg aaatatgttg gggttttttt aagattgtaa 900
aaataatcag ttactggtat ctgtcactga ctttgttttc cttattcagg aagataaaaa 960
tcagtaacct accccatgaa gatatttggg gggagttata tcagtgaagc agtttggttt 1020
atattcttat gttatcacct tccaaacaaa agcacttact ttttttgga gttatttaatt 1080
ttattttaga ctcaaagaat ataactttgc actactcagt tattactgtt tgttctctta 1140
ttccctagtc tgtgtggcaa attaaacaat ataagaagga aaaatttgaa gtattagact 1200
tctaaataag gggtgaaatc atcagaaaga aaaatcaaag tagaaactac taattttttt 1260
agaggaattt ataacaaata tggctagttt tcaacttcag tactcaaatt caatgattct 1320
tccttttatt aaaaccagtc tcagatatca tactgatttt taagtcaaca ctatatattt 1380
tatgatcttt tcagtgatg ggaaggtgct ttgttatgtc tagaaagtaa gaaaacaata 1440
tgaggagaca ttctgtcttt caaaaggtaa tggtagatgc gttcactggt ctctaagtgt 1500
aaaagtagta aattttgtga tgaataaaat aattatctcc taattgtatg ttagaataat 1560
tttattagaa taatttcata ctgaaattat tttctccaaa taaaaattag atggaaaaat 1620
gtgaaaaaaa ttattcatgc tctcatatat attttaaaaa cactactttt gcttttttat 1680
ttacctttta agacattttc atgcttccag gtaaaaacag atattgtacc atgtacctaa 1740
tccaaatata atataaacat tttatttata gttataatc tatgatgaag gtaattaaag 1800
tagattatgg cttttttaag tattgcagtc taaaacttca aaaactaaaa tcattgtcaa 1860
aattaatatg attattaatc agaatatcag aatatgattc actatttaaa ctatgataaa 1920
ttatgataat atatgaggag gcctcgctat agcaaaaaata gttaaaaatg tgacataaca 1980
ccaaacttca ttttttaaaa aatctgttgt tccaaatgtg tataatttta aagtaatttc 2040
taaagcagtt tattataatg gtttgccctgc ttaaaaggtg taattaaact tctttctctt 2100
tctacattga cacacagaaa tgtgtcaatg taaagccaaa accatcttct gtgtttatgg 2160
ccaacttatt ctcaaagtta aaagtaaaat gtttcagag tcacagttcc ctttatttca 2220
cataagccca aactgataga cagtaacggg tttagtatt atactatatt tgtgctattt 2280
aattctttct attttcacia ttattaaatt gtgtacactt tcaattactt taaaaatgta 2340
gaaattcttc atgaacataa ctctgctgaa tgtaaaagag aatttttttt caaaaatgct 2400
gttaatgtat actactggtg gttgattggg tttattttat gtagcttgac aattcagtga 2460
cttaatatct attccatttg tattgtacat aaaattttct agaaatacac ttttttccaa 2520
agtgtaaagt tgtgaataga ttttagcatg atgaaactgt cataatgggt aatgttcaat 2580
ctgtgtgaaga aaacaaacta aatgtagttg tcacactaaa atttaattgg atattgatga 2640
aatcattggc ctggcaaaat aaaacatggt gaattcccca aaaaaagaaa gggaggacgg 2700
```

gaggggagaa ggaaggaagg

2720

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 39 :

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1036 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STrang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 39

gccggccgcc	ctttttaacc	cccttccctt	cctttttttc	tgttgctgaa	tgatatttta	60
ttagcttgat	aatttgggcc	tgcccttagc	attaataagc	ttcagcacta	gtcacaagac	120
tttcattcac	tggtggggaa	actttcttgt	tttaaaaaat	gcaattcaag	aaagggcatc	180
tatttcttgg	gggctgcggg	gacagcaggc	ttctcttcac	gggtgatggg	aatggtgcgc	240
tcagggccag	agacctgttt	ccttggtcca	ttcacagtga	ggaccccatc	agatgacagg	300
gatgaagtaa	tggtgagagg	gtctacatca	gctgggatcc	ggtatttcct	gtggaactcc	360
ctggagatga	aacctgttgc	atcctggcgc	tcttcatgtt	ttccatgcac	ctcaatcaca	420
tctcccaaca	ccttaacttt	gagttcctct	ggggagaagt	gcttcacatc	caggttgaca	480
gagaacctgt	ccttctccag	gcgcctctct	gagagtccag	tgtcaaacca	gctgggtgcc	540
cgcaggaagg	agggtaggag	aaggtagaag	ggactcaggg	aagtagacgt	cgggaaaaga	600
tcagactcca	acaggtgctc	tccgaagaac	tggtcaaaga	ggcggctggg	ggagtggaaa	660
ggaaagaagg	ggcggcggat	ccaggggtgg	tggtggcgga	tgtccatggg	ggctaggtga	720
gtgtgagggg	tcagctggcc	tggtcagctc	cttcagctgc	agctacagcc	agcccccttat	780
atatgcagtc	ttgtgaagct	tctggaatgg	tgatgtcagg	ggttttatta	tcctagctca	840
ccagcagttc	atggagactt	gtgatccggg	atttggaat	gtgacacata	cccagtactc	900
actgagctaa	gaaaagagag	acacaaacac	gtctgagccg	gccagtgact	tgtcatggtc	960
ttgtttcact	agctttctgt	ccacacccaa	tggcacccac	ccccaccctt	gttctctgaa	1020
gctggtacag	agtcag					1036

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 40:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2659 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STrang: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 40

```
accacagggg ctgccctccc ctgcgcactc ccctcgctgc ccgggcccgg agcgcagtg 60
ggccgcacag attcacaatg ttgaaagccc ttttctaac tatgctgact ctggcgctgg 120
tcaagtcaca ggacaccgaa gaaaccatca cgtacacgca atgcactgac ggatatgagt 180
gggatccctgt gagacagcaa tgcaaagata ttgatgaatg tgacattgtc ccagacgctt 240
gtaaagggtgg aatgaagtgt gtcaaccact atggaggata cctctgcctt ccgaaaacag 300
cccagattat tgtcaataat gaacagcctc agcaggaaac acaaccagca gaaggaacct 360
caggggcaac caccgggggt gtagctgcca gcagcatggc aaccagtggg gtgttgccc 420
gggggtgggtt tgtggccagt gctgctgcag tcgcaggccc tgaaatgcag actggccgaa 480
ataactttgt catccggcgg aaccagctg accctcagcg cattcctccc aaccttccc 540
accgtatcca gtgtgcagca ggctacgagc aaagtgaaca caacgtgtgc caagacatag 600
acgagtgcac tgcagggacg cacaactgta gagcagacca agtgtgcatc aatttacggg 660
gatcctttgc atgtcagtg cctcctggat atcagaagcg aggggagcag tgcgtagaca 720
tagatgaatg taccatccct ccatattgcc accaaagatg cgtgaataca ccaggctcat 780
tttattgcca tgcagtcctt ggggttccaat tggcagcaaa caactatacc tgcgtagata 840
taaatgaatg tgatgccagc aatcaatgtg ctgagcagtg ctacaacatt cttggttcat 900
tcattctgtca gtgcaatcaa ggatatgagc taagcagtg caggctcaac tgtgaagaca 960
ttgatgaatg cagaacctca agctacctgt gtcaatatca atgtgtcaat gaacctggga1020
aattctcatg tatgtgcccc cagggatacc aagtgtgtgag aagtagaaca tgtcaagata1080
taaatgagtg tgagaccaca aatgaatgcc gggaggatga aatgtgttgg aattatcatg1140
gcggcttccg ttgttatcca cgaaatcctt gtcaagatcc ctacattcta acaccagaga1200
accgatgtgt ttgcccagtc tcaaattgcca tgtgccgaga actgccccag tcaatagtct1260
acaaatacat gagcatccga tctgataggt ctgtgccatc agacatcttc cagatacagg1320
ccacaactat ttatgccaac accatcaata ctttccggat taaatctgga aatgaaaatg1380
gagagttcta cctacgacaa acaagtcctg taagtgaat gcttgtgtc gtgaagtc1440
tatcaggacc aagagaacat atcgtggacc tggagatgct gacagtcagc agtataggga1500
ccttcgcac aagctctgtg ttaagattga caataatagt ggggccattt tcattttagt1560
cttttctaag agtcaaccac aggcatttaa gtcagccaaa gaatattgtt accttaaagc1620
actattttat ttatagatat atctagtgc tctacatctc tatactgtac actcaccat1680
aattcaaaca attacaccat ggtataaagt gggcatttaa tatgtaaaga ttcaaagttt1740
gtctttatta ctatatgtaa attagacatt aatccactaa actggctctc ttcaagagag1800
ctaagtatac actatctggt gaaacttgga ttctttccta taaaagtggg accaagcaat1860
gatgatcttc tgtggtgctt aaggaaactt actagagctc cactaacagt ctcataagg1920
ggcagccatc ataaccattg aatagcatgc aagggtaaaga atgagttttt aactgctttg1980
taagaaaatg gaaaaggcca ataaagatat atttctttag aaaatgggga tctgccatat2040
ttgtgttggg ttttattttc atatccagcc taaagggtgt tgtttattat atagtaataa2100
```

```

atcattgctg tacaatatgc tggtttctgt aggggtatatt taattttgtc agaaatttta2160
gattgtgaat attttgtaaa aaacagtaag caaaattttc cagaattccc aaaatgaacc2220
agatatcccc tagaaaatta tactattgag aaatctatgg ggaggatatg agaaaaataaa2280
ttcctttctaa accacattgg aactgacctg aagaagcaaa ctcgaaaaat ataataacat2340
ccctgaattc aggacttcca caagatgcag aacaaaatgg ataaaaggta ttctactgga2400
gaagttttaa tttctaagta aaattttaa cctaacactt cactaattta taactaaaaa2460
ttctcatctt cgtacttgat gctcacagag gaagaaaatg atgatgggtt ttattcctgg2520
catccagagt gacagtgaac ttaagcaa atacctccta cccaattcta tggaatattt2580
tatacgtctc cttgtttaaa atgtcactgc tttactttga tgtatcatat ttttaaataa2640
aaataaatat tcctttaga

```

2659

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 41:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2939 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

## (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

## (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

## (iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 41

```

tttttttttt ttttttttgt ggtaataaaa tgttgtcaat tttattaaaa gctgattcca 60
tttcttcaca cagttaagta cgtttctttc ttgttttgtt aaagccatt tcataagagt 120
gagttggctc tgtgagacca tctactgataa agacacatac agttagcacc acacatttat 180
aaatgcagat agccacaatg acctttccaa tatgtacaag ctccatttac acatccacac 240
atgtatttac agctaataaa taaaatgtaa agccagaaca tccttgatat atataacaaa 300
gtttttcgga gccagagttc ccagtgtctat gtgctgcttt agtgaatctt ttaagttaat 360
gcacctggg tcacaaccca aatccagaaa tttaatgaat taataaagg gatgccaaca 420
acaaatcata catcatttta tttttagaga gaattcattc caagcctgat gatgttaac 480
acaacattgg tcctactatt tataggcacg atcatctctc tcagagaaag ggtcgaagt 540
ctggcacatc aggaacaatt tctactccga catgttccaa tacatccctt gatcgactgt 600
tttcccttcc gaattatgct gaaggacaac acacatgcag agctttctag tatgtgttca 660
gatatcacat actttcacag tcgggttccc agctatagcc tctgagatat ttgacatctt 720
tatcatttca tatttatacg tagaagagca ttctgaaaaa taggagatct agtttataaa 780
tagttgttca ctactcttg attagtgtt aaaaacaaca aatagcaacc ctcatggtag 840
tccatctggc tcattgcacg cgatgggtta caagcactgc ttaggaatcc accccaggaa 900
cctctccacc cttttactta gtaaaaacgg tccttgtcta aaatctgtag aagctcacac 960
aatgcaaaat ttgaactcaa acctatcttt tcatgtcaaa gccaggaaca aaagagacgc1020

```

```

actggaagta caactgaagc atgaccaagg taagcctaaa actgaagagt aactgtcagal1080
tattgaatga ttttaaattg atgaaaatca tttggagaat ctaataataa aattacgggt1140
tctttttttt tttctgcacc attcaaatta tgtgtcagct gaggattaca ggctcatttt1200
caacacctac ccagagaaca ttattataat ataactctga gacaaaaaag aagggggaga1260
gagggattaa gcaataaacg ataaagccta ttaagaatta attgatctag attttatatc1320
tccttgaatt tgtaactttg tcatgatgca ggccaatggt agggactgtt taaaacctct1380
gtgtttatca gacctttct tcttccctct ccaagttaca tgttctggt tgacgtctgg1440
accacattcc aatagcaaga gggaatcatt ctaaaacatc attcatactg ctgtgtagat1500
gagtctgatt cgtgccgcgg aaaagcattt tctgtattct tggagactta gagtaaagt1560
tgagaaggcc tcagtccgaa agatccagaa ttccaattaa aataggagggt tctaaccaat1620
tataggctat ggcccaatac gccacatgaa ggagccttat tttactctgc gctcaaacaal1680
ttattttctt ctcaaaggac aaaacagcac ttttcatgat ccactgtctt ttaacgttgg1740
aggatgtgct atttgccac tataccocat aaattgaatt agccacttt tagtgcttgal1800
gactgtctcc taaaataact aacaagggtt gggctgggat taatattcag gaaaatccac1860
ttttgaaaca ccccaaacac tgggtatggt ttgtaaaagt tacttctctc acttcattct1920
tcacagaatt cacatgccgt tctttgttct gtagattcgc ccagtttcag cctgacttct1980
tattcagaga cttgtcatgg catttcacaa ataccgcagg tgcctttctt ttctgcaa2040
gagacacttt ctccctagaa cagaagatca cctttttctg agtctctctt gcttttactc2100
tgatcttctg aatggcgaag ccgggactgc tccaccagtc tgaccagcta aagtatgaat2160
cactcttcca tttgagcttc aacatgagta gttctccaat atctacctct gtgtaaatta2220
ggaaggagta ggtcttattt gtggaaactt caggcagagt gaatgggatg ttctcactct2280
cggccacggg gccatacaga gaaatctcaa aggcctgatt ggtatgggtt tcactctcag2340
tcccagaaaa atgaatcttt acttggtaat ggaagacttt gtagggcatc tgagaacgag2400
tcttcaggta cattttgctg cttcttttgg ctctgacttt attgatctca tagcccagat2460
tggtgcagcg gttctttcta caactcaagc agagcccttt ctcaaaggct tccttggaac2520
tgcacctgta ggccttactt ggattttctt cattcaacag agagtcgatg aagagatgaa2580
tggagcgctc gtgggagcac ttcactagct ggtccacatc tccaagtcct ctctctgcaa2640
tcacgcggat agcttctcca atgttacatc ctggctgaaa agtacctcca ttcgggtaaa2700
tgtcaacatg cccaactggt ttctggattc caatgcttcg accaggggac cctctggtga2760
atgtgtgtaa gacgtctaca aaatctgcat catcaggaga aagacgactc ggggcttctg2820
catactcaaa gttaggtcca gctggatcga ggccagtaat tctgttgaac tttcttattg2880
gtcagacttc ctgcaatgcc agcagcatgg gctccaaggc tgtatcccaa gagatggac 2939

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 42:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 3670 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library



## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 42

gcacgcgcat	gacgcccgcc	aatgccaccg	aagcctccaa	gcccccaaggc	acaacgggtgt	50
gtcctccctg	tgacaacgag	ttgaaatctg	aggccatcat	tgaacatctc	tgtgccagcg	120
agtttgcact	gaggatgaaa	ataaaagaag	tgaaaaaaga	aaatggcgac	aagaagattg	180
cccccaagaa	gaagaagccc	ctgaagttgg	ggcccatcaa	gaagaaggac	ctgaagaagc	240
ttgtgctgta	cctgaagaat	ggggctgact	gtccctgcc	ccagctggac	aacctcagcc	300
accacttctt	catcatgggc	cgcaagggtga	agagccagta	cttgcctgacg	gccatccaca	360
agtgggacaa	gaaaaacaag	gagttcaaaa	acttcatgaa	gaaaatgaaa	aacctatgagt	420
gccccacctt	tcagtcctgt	tttaagtgat	tctcccgggg	gcagggtggg	gagggagcct	480
cgggtggggg	gggagcgggg	gggacagtgc	cccgggaacc	cgtgtgggtca	cacacacgca	540
ctgcgcctgt	cagtgtgga	cattgtaatc	cagtcggcct	gttcttgtag	cattcccgcct	600
cccttccctc	catagccacg	ctccaaaccc	cagggtagcc	atggccgggt	aaagcaaggg	660
ccattttgat	taggaagggt	tttaagatcc	gcaatgtgga	gcagcagcca	ctgcacagga	720
ggaggtgaca	aaccttttcc	aacagcaaca	cagccactaa	aacacaaaaa	gggggattgg	780
gcggaaagtg	agagccagca	gcaaaaaacta	cattttgcaa	cttgttggtg	tggatctatt	840
ggctgatcta	tgcttttcaa	ctagaaaatt	ctaattgattg	gcaagtacag	ttgttttcag	900
gtccagagta	gtttctttct	gtctgcttta	aatggaaaca	gactcatacc	acacttacaa	960
ttaaggtcaa	gcccagaaaag	tgataagtgc	agggaggaaa	agtgcagtc	cattatgtaa	1020
tagtgacagc	aaagggacca	ggggagaggc	attgccttct	ctgcccacag	tctttccgtg	1080
tgattgtcct	tgaatctgaa	tcagccagtc	tcagatgccc	caaagtttcg	gttcctatga	1140
gcccggggca	tgatctgatc	cccaagacat	gtggaggggc	agcctgtgcc	tgcttttgtg	1200
tcagaaaaag	gaaaccacag	tgagcctgag	agagacggcg	attttcgggc	tgagaaggca	1260
gtagttttca	aaacacatag	ttaaaaaaga	aacaaatgaa	aaaaatttta	gaacagtcac	1320
gcaaatgtct	agtcagggtg	aattgtgaaa	ttgggtgaag	agcttaggat	tctaattctc	1380
tgttttttcc	ttttcacatt	tttaaaagaa	caatgacaaa	cacccactta	tttttcaagg	1440
ttttaaaaca	gtctacattg	agcatttgaa	agggtgtgta	gaacaaggtc	tcctgatccg	1500
tccgaggctg	cttcccagag	gagcagctct	ccccaggcat	ttgccaaggg	aggcggattt	1560
ccctggtagt	gtagctgtgt	ggctttcctt	cctgaagagt	ccgtggttgc	cctagaacct	1620
aacacccctt	agcaaaactc	acagagcttt	ccgttttttt	ctttcctgta	aagaaacatt	1680
tcctttgaac	ttgattgcct	atggatcaaa	gaaattcaga	acagcctgcc	tgtccccccg	1740
cactttttac	atataattgt	ttcattttctg	cagatggaaa	gttgacatgg	gtggggtgtc	1800
cccattccagc	gagagagttt	caaaagcaaa	acatctctgc	agtttttccc	aagtaccctg	1860
agatacttcc	caaagccctt	atgtttaatc	agcgatgtat	ataagccagt	tcacttagac	1920
aacttttacc	ttctgttcca	atgtacagga	agtagttcta	aaaaaaatgc	atattaattt	1980
cttcccccaa	agccggattc	tttaattctct	gcaacacttt	gaggacattt	atgattgtcc	2040
ctctggggcca	atgcttatac	ccagtggagg	tgctgcagtg	aggctgtaaa	gtggccccct	2100
gcggccctag	cctgaccggg	aggaaaggat	ggtagattct	gttaactctt	gaagactcca	2160
gtatgaaaat	cagcatgccc	gcctagttaac	ctaccggaga	gttatcctga	taaattaacc	2220
tctcacagtt	agtatcctg	tccttttaac	accttttttg	tggggttctc	tctgaccttt	2280
catcgtaaa	tgctggggac	cttaagtgat	ttgcctgtaa	ttttggatga	ttaaaaaatg	2340
tgtatatata	ttagctaatt	agaaatattc	tacttctctg	ttgtcaaact	gaaattcaga	2400
gcaagttcct	gagtgcgtgg	atctgggtct	tagttctggt	tgattcactc	aagagttcag	2460
tgctcatacc	tatctgtcca	ttttgacaaa	gtgcctcatg	caaccgggccc	ctctctctgc	2520
ggcagagtc	ttagtggagg	ggtttacctg	gaacattagt	agttaccaca	gaatacggaa	2580
gagcaggtga	ctgtgctgtg	cagctctcta	aatgggaatt	ctcaggtagg	aagcaacagc	2640
ttcagaaa	gctcaaaata	aattggaaat	gtgaatcgca	gctgtgggtt	ttaccaccgt	2700
ctgtctcaga	gtcccaggac	cttgagtgtc	attagttact	ttattgaagg	ttttagacct	2760
atagcagctt	tgtctctgtc	acatcagcaa	tttcagaacc	aaaaggaggg	ctctctgtag	2820
gcacagagct	gcactatcac	gagcctttgt	ttttctccac	aaagtatcta	acaaaaccaa	2880
tgtgcagact	gattggcctg	gtcattgggtc	tccgagagag	gagggtttgc	tgtgatttcc	2940
taattatcgc	tagggccaag	gtgggatttg	taaagcttta	caataatcat	tctggataga	3000
gtcctgggag	gtccttggca	gaactcagtt	aaatctttga	agaatatttg	tagttatctt	3060
agaagatagc	atgggaggtg	aggattccaa	aaacatttta	tttttaaaat	atcctgtgta	3120
acacttggct	cttggtagct	gtgggttagc	atcaagttct	ccccagggtg	gaattcaatc	3180

```

agagctccag tttgcatttg gatgtgtaaa ttacagtaat cccatttccc aaacctaaaa3240
tctgtttttc tcatacagact ctgagtaact ggttgctgtg tcataacttc atagatgcag3300
gaggctcagg tgatctgttt gaggagagca ccctaggcag cctgcaggga ataacatact3360
ggcgtttctg acctgttgcc agcagataca caggacatgg atgaaattcc cgtttcctct3420
agtttcttcc tgtagtactc ctcttttaga tcctaagtct cttacaaaag ctttgaatac3480
tgtgaaaatg ttttacattc catttcattt gtgttgtttt ttttaactgca ttttaccaga3540
tgttttgatg ttatcgctta tgttaatagt aattcccgtc cgtgttcatt ttattttcat3600
gctttttcag ccattgtatca atattcactt gactaaaatc actcaattaa tcaataaaaa3660
aaaaaaaaaa                                     3670

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 43:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1025 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 43

```

ctttaaccag ttatttacag tgtgctcatt cgttcagaaa ttagatacaa aatctcaaga 60
cctgttacta ctgattttat taaatcagag tctttaattc ttgcatgttt gtatctaatt 120
tctgaacgaa tgagcacact ttaaccagtt atttacagtt acctttttcc ttaaccgga 180
ttgtgaaagc ttcattgtatt ttaattttaga ttctgtgttt ttaaggggtc tgagcatgaa 240
gctggcagat agtcggcagg actcattttt tcattcatggc tggctgattt ctccatagat 300
tgataacagt attttgttat cttgcttctc tgtagttttg catcagctgt ttaactttga 360
gctgagtgag gggagagggg taaagagaaa gaaacttaag ttttctttca cagaactcca 420
ccattgtggg ctttgagaga gccctaaagc attgtacctt gtggtacctt gtgacttcca 480
accaaagcct ttgagtatgc actaaatagg tgagaagaaa ggagagaagg tttttagggt 540
agaaaccttt aaccgataga aggatatggg atgttgtaaa gctggaacca agtttgcat 600
tttgagggct tgagatgaag ggaagactct taccagatag taagacagct gagttttcc 660
cagttttctc gtcttaacac tagtggaaca ttctagcatt ttgtttggag gatttcagag 720
ttaacctcat ggaattcagg attttttagc aagtgtgctt ttggttttat ctgggtttt 780
agtaatcatg ttggctgggtc tggtcacagg tgactgtgaa acagatgccg tggctcttgc 840
ttcatcactc taggatcatg aagtgtcatg ctatttcctg gttatgaata ttaagggttg 900
aattacattt ttattgattg tttggatcag agctcagttc ctgtagaaaa cgaactgtaa 960
aagaccatgc aagaggcaaa ataaaacttg aagtgaatgc taaaaaaaaa aaaaaaaaaa 1020
aaaaa                                           1025

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 45:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 538 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

## (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

## (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

## (iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 45

```

ccaggaggct gtgaggggga gaatgttctt ttggccactg tgaagcctca ggaaggggct 60
cggattgctc aaggacccat gggagagagg aggccttgac tgggctgcct gcctgtgagg 120
tctctggact agaggtccaa cgcagtcag ctgacaagga tggaatacgc catgaagtcc 180
cttagccttc tctaccccaa gtccctctcc aggcattgtg cagtgcgtac ctctgtggtg 240
acccagcagc tgctgtcgga gcccagcccc aaggccccc gggcccgcc ctgccgcgta 300
agcacggcgg atcgaagcgt gaggaagggc atcatggcct acagtcttga ggacctctc 360
ctcaaggctc gggacactct gatgctggca gacaagccct tcttcctggt gctggaggaa 420
gatggcacia ctgtagagac agaagagtag ttccaagccc tggcagggga tacagtgttc 480
atggctctcc agaaggggca gaaatggcag ccccatcag aacaggggac aaggcacc 538

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 47 :

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 360 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

## (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 47

```
gccacgggtc cggccacggg tgcggccacg ggtccgacaa tagtatgcag ctaaaaaata 60
attgtatgtc tttatatact aatatgtaat aatcttcagg tgaaaaaggc aagccacaga 120
aatgtgtata gcgcacttcc catttgtgtt tcagaaaagg gtagaatata aacacataat 180
tgcttatgta tgcctattca gaataaatgg gtaacactga ttacttttgg gaggggaacc 240
agtaggttga ggacaggaga gggaagggtc ttaacactta cacccttttg tacattttga 300
atthtgaacc atgtgactgt attacctatt caaaataaac aataaatggg cccaaacagg 360
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 48:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: Basenpaare

(B) TYP: 2192 Nukleinsäure

(C) STRang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 48

```
gaggcctgcg cccacaccct ctctgtcca gccctcgccc gcctgggcag ggcccggcgc 60
cgtccgtgga tgagccacag aacctcttcc acctccgag cggagagaag tttccattcc 120
tcttctctt cctcctccgc tgccacctcc tctcggcct cccgtgctct cccggcccag 180
gacccgcccc tggagaaggc cctgagcatg ttttccgatg actttggcag cttcatgcgg 240
ccccactcgg agccccctggc cttcccagcc cgccccggtg gggcaggcaa catcaagacc 300
ctaggagacg cctatgagtt tgcggtggac gtgagagact tctcacctga agacatcatt 360
```

```

gtcaccacct ccaacaacca catcgagggtg cgggctgaga agctggcggc tgacggcacc 420
gtcatgaaca ccttcgctca caagtgccag ctgccggagg acgtggaccc gacgtcgggtg 480
acctcggttc tgcgggagga cggcagcctc actatccggg cacggcgtsa cccgcataca 540
gaacacgtcc agcagacctt ccggacggag atcaaaatct ctagccctat tacaacagct 600
tccctgtgcc ccccgcccca cgcctgccag caaagcctcg ctaaccccat tacaacagct 660
ccaggacatc tcagcccagg ttctagcccc cagcaccccc agaccccagg tggaccatcc 720
tcccaaaacta gggccctcca ctctatccag ggcaggccag ggactccctg gectgacaca 780
tgatgcccag atttcagatt tggcctccgt cacttaatcc agagtacagg ggctgggggtc 840
aggggaaggaa gatctaaaga acccactgtg ggtcagggga atgggaccag caggacatat 900
gggcaagctc tgcaggacag acaggcagac aaaccctctg atctatgaag tctctgcagg 960
gcaaggggac cagggacctg gaacctctt ggccaagggg agtggggaag acagagggaal020
ggtcacaggc aagggtgctt atctaagtgg aactaattgc ccgagggtc agcaaggccal080
agaggagaca gccgtgacgg taaacttccc ctctaccagc ctccaagccc cagccagcg1140
agcaggctgc ctgcccacc cgtgccccca ccagctggc tgtgccaggg cagagccatg1200
ccacatctgt atatagatgg ggtttttcca atacagctgg ttcgtgataa actgcatgaal260
actcctgccc tcttgccct gctggggcct ccaggcaagg ccacgtgggg ttgggggtgg1320
ggctggctct tctccctccc acaggcctgt gttcttgggg ctgctcccat gcagacaggal380
tcacctaaac gagatggaag ccagggcctg gatggggcct tgggtcctcg aggttggacc1440
ccagcttctt gccaccttcc cctccgggca gtcagctctc catccatccc cctctttaat1500
ctatgaatct ataggctcgg tgtgtgtaac acacacaccc ctatcgttgt ccttcaaatal1560
ctcagcatta ccattggttg aggccaaatt cagagctttc tcaaatacaga tttacaatct1620
ccattttcat taacggggaa acatccccga gccactgagt gctgtgcttt gtcactgaag1680
gttagatctg aacccagggt gtcaacagct gctctcaact ccccaacctt gggcactgag1740
gagtatttcc cctcattcta cctctctaag gctatgcacc cctccccacg tcttcagct1800
gggggatggg gggagtcata ggaaaagccc ccacttccca tctgggatag ggaccttccal860
tcagccttaa ccttgggaaa tgctgctgc cccagtgac tcttggtttc gtctccaca1920
tacagaagca ggggtggagg gaagggtggg tctcagttag caggggtccc cagggcaagt1980
cagcctctc cctccatgcc tctctggtca gtgtgcctta ggggtggcctc tcaactcccac2040
cactctgggc ccttggggg aggactggg agggggccgt gggagagccc tgacgtgga2100
acctgtatac acaataaagg acagtctcac agacaaaaag aggcgcctg ccgagttct2160
caaacttagg gcagggcctt acttgagaga aa 2192

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 49:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2952 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 49

```

gtgcgggatgc cggccggcag cagcatcatg gctcacgggc ccggcgcgct gatgctcaag 60
tgctgtggtgg tcggcgacgg ggcggtgggc aagacgtgcc tactcatgag ctatgccaac 120
gacgccttcc cggaggagta cgtgcccacc gtcttcgacc actacgcagt cagcgtcacc 180
gtggggggcca agcagtacct cctaggactc tatgacacgg ccggacagga agactatgac 240
cgtctgaggc ctttatctta cccaatgacc gatgtcttcc ttatatgctt ctcggtggta 300
aatccagcct catttcaaaa tgtgaaagag gagtgggtac cggaacttaa ggaatacgca 360
ccaaatgtac cttttttatt aataggaact cagattgac tccgagatga ccccaaaact 420
ttagcaagac tgaatgatat gaaagaaaaa cctatatgtg tggaacaagg acagaaacta 480
gcaaaagaga taggagcatg ctgctatgtg gaatgttcag ctttaaccca gaagggattg 540
aagactgttt ttgatgaggc tatcatagcc attttaactc caaagaaaca cactgtaaaa 600
aaaagaatag gatcaagatg tataaactgt tgtttaatta cgtgagaaac atcttcagt 660
gccaaaggaaa ctgtccattt ctctcagaaa gcaaatgaaa tgctacagct ataccagac 720
cttttatagg taatgaagca gttcaaaact tgaaagaaaa caaaacctgt cctcagaatt 780
ctataaagtg tattaaagaat gttccttaaa ggtttaagaa gcagtaagca gcatctgaag 840
ccacaatcta ttataaatac ttattttcaa ctagaaggta caatctctca ggggtttcat 900
agtttaaaaa gctacaatca catcatgttg taactacgta aaaaacagag ctgtaaatgg 960
aactgcttgg ctttgaccat acacatttct gccagccct tacagaatct gcacaaagaa 1020
atatctccct ttgctccagt taattgttct tgtatgtaag ttgctttcta tccagttata 1080
tccagagtgg tgaaataaca aggccagcca cgtagccaaa ggtagctcca agcgtacagg 1140
agatgggcca tacctgagga gagaatgtat gagatcaaaa aagaacaaat gttttattat 1200
tacttgagca caagtgtaac ctaaaatatt ctatattaaa gcttaatgtg ctttcttaaa 1260
gaatgccaaa agtgtaataa ggtcataact gcatttatca tgaacactaa aaatgtacac 1320
attttagtta atgtgcatta aactgtaaca aggttcttgg caattgtaga tttagtttga 1380
cgctcccaa agtgcatgag acacatgcta aaattacaaa ttaaaatttt gggtcagact 1440
ttgccataat gatagactca atttagctct ctgaactagt tggtaatttt tttttttaaa 1500
ttcccacttt ggctgtgtac atcaaataaa atgagaagtg tgtatgctga ccaaaccaca 1560
agaaactttc ttttaagttg gttaaagagg aaagacctag aatccaagcg tgttacatga 1620
aaattgtaac agagcagctg cttccacctt tcagatatag atgttggaac cacagcagaa 1680
gttatagagc gacaacttat atacacacct agaattgtaag ttaaacaaaa taccggcttc 1740
cagagacccc ttttctccag ccatattaca tcaggctaga agtaattaat gttgatttat 1800
ttcatctaca agcagttggt ccctaagtga aaggctctgc ttgaaaaaaa aaagaaaaaa 1860
aagttggagg aaaattttca tgttcttctg tgaagcttat ttggtacact ggagccattt 1920
ctaattcttc tctgggggga acaggccaca gaactgtgtt agaggtgaac catcttaatt 1980
actagtctta ttacctaat cagcttcctt gtttggctct ctgtggatct gccttattgc 2040
atatgccatg catcagataa tggatgcac agataatggt gttagacaaa gcttcattgt 2100
gaacaaccta atgcatttta gagaaacaat ctcatcacat ttttcttagc ctttctaca 2160
tttaaacttg ctgttgccca aattataatt ttttaaatgt ctttggtggg cttctgttaa 2220
ttcacatgac ttgagcttat agctatgtct actgcacaga ttgggtaatg gaacactaaa 2280
cttttatact tgaaaatgac agccttaaat gctcatatca gtcacaaatc taggatgtac 2340
tgtcttggtg tatgtgagct ttgtagagat ttttaaaaat ataagcatca ccttccatt 2400
gaagagtggg gagagtctac tggatgactg gccaggaact ttctctctga atcgacatt 2460
tggatgtctt ctttcttcca agaaatggtg gttcacatta aagtatcatg gccttatgta 2520
tgctcaaatg gaactttatg taactttctt atttaatttt ggtctgctta tttttagata 2580
aaattgaaag gaattgtata aatcaattaa catattagct gagttgtcca acacatggta 2640
taaacgaatt acaacagtaa actattacac atttccaact tgcctttggg tcattatgag 2700
gatttttttt ggtgggggga gggggctcca attcatatct ctgaaacctt tcacacttgg 2760
tttactaatt caaagttaga agtctagaat ttgccctgcc ctaacagaaa cagattagga 2820
atgtgtctac acaaactggt gtcacctgtt tcttgactgg gatttggttt cctcattata 2880
aatatgggag gtagaacaga gatctccaac gtctctccca tttatcacag taattttctt 2940
attcacagta at
2952

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 50:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 615 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

## (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

## (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

## (iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 50

```

gcaaggatgg tctcaatctc gacctcgtga tccgccacc ttggcctccc aaagtgttgg 60
gattacaggc gtgactcacc atgcccagcc acttagtttt ttcttattcc cacccttcta 120
tcccatagaa cactcttttt tatcttccct gaaccatatt gatgagataa atagggtctg 180
gggctgggcc ccgctgggtca ctcaacagag tatttccctt ggccgagatg gaagtgttgt 240
cccaatagat gagctgctga gtatcaacaa ggtgacattt ttctgctgcc catttgtgtc 300
ctggagacgg tggtagcctg aaggcagagg ccagctgccg caagacagca atgacagtcc 360
acctgccgac ctgattcctg catcatggaa taaccacatg gctaccttct atcctctgtt 420
cccaaattgt ggtggcactt atcctgaagt cgtcaatgat ttccctttga aactacttta 480
ttttactaat ttaaactatt ttgtactgat gtagccctga ggtagttcat gaaaatgctg 540
tgcactcatt ccatggaata aatgttgga agctgatctt ttctgatata aaatgttgaa 600
tgataaaaaa aaaaa 615

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 51:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1488 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

## (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

## (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

## (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 51

```
ttttactgac cttgctagaa gtttacagca aggaagtgca ggaacatttc acaaactctac 60
aatctgtgag tatcacatcc tgtatagctg taaacactgg aataaggaag ggctgatgac 120
tttcagaaga tgaaggtaag tagaaaccgt tgatgggact gagaaaccag agttaaacc 180
tctttggagc ttctgaggac tcagctggaa ccaacgggca cagttggcaa caccatcatg 240
acatcacaaac ctgttcccaa tgagaccatc atagtgtctc catcaaatgt catcaacttc 300
tcccaagcag agaaacccga accaccaaac caggggcagg atagcctgaa gaaacatcta 360
cacgcagaaa tcaaagttaa tgggactatc cagatcttgt gtggcatgat ggtattgagc 420
ttggggatca ttttggcatc tgcttccttc tctccaaatt ttaccaagt gacttctaca 480
ctgttgaact ctgcttacc attcatagga cccttttttt ttatcatctc tggctctcta 540
tcaatcgcca cagagaaaag gttaaccaag cttttggtgc atagcagcct ggttggaagc 600
attctgagtg ctctgtctgc cctggtgggt ttcattatcc tgtctgtcaa acaggccacc 660
ttaaactctg cctcactgca gtgtgagttg gacaaaaata atataccaac aagaagttat 720
gtttcttact tttatcatga ttcactttat accacggact gctatacagc caaagccagt 780
ctggctggaa ctctctctct gatgctgatt tgcactctgc tggaaattctg cctagctgtg 840
ctcactgctg tgctgcggtg gaaacaggct tactctgact tccctggggg gagtgtgctg 900
gccggcttca cttaaccttg cctagtgtat cttatccctg cactgtgttg agtatgtcac 960
caagagtggg agaaggaaca accagccaat cagcagatac acatgggagg gcatttgcatt 1020
tgtgatggaa gacagagaag aaaagcagat ggcaattgag tagctgataa gctgaaaatt 1080
cactggatat gaaaatagtt aatcatgaga aatcaactga ttcaatcttc ctattttgtc 1140
agcgaaggga atgagactct ggggaagttaa atgactggcc tggcattatg ctatgagttt 1200
gtgcctttgc tgaggacact agaacctggc ttgcctccct tataagcaga aacaatttct 1260
gccacaacca ctagtctctt taatagtatt gacttggtta agggcattta cacacgtaac 1320
tggatccagt gaatgtctta tgctctgcat ttgccctgg tgatcttaaa attcgtttgc 1380
ctttttaaag ctatattaaa aatgtattgt tgaatcaaaa aaaaaaagg agtgagaggt 1440
ggggtggggg gggggaggag ggggggcccgt ttaggggggg ccgggttt 1488
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 53:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
(A) LÄNGE: 2262 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:



(A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 53

```

ctcgagccga ttcggtctga gctaattttt aagtctcgat tggaaatcag tgagtaggtt 60
cataatgtgc atgacagaaa taagctttat agtggtttac cttcatttag ctttggaagt 120
tttctttgcc ttagttttgg aagtaaattc tagttttag ttctcatttg taatgaacac 180
attaacgact agattaaaat attgccttca agattgttct tacttacaag acttgctcct 240
acttctatgc tgaataattga ccctggatag aatactataa ggttttgagt tagctggaaa 300
agtgatcaga ttaataaatg tatattggta gttgaattta gcaaagaaat agagataatc 360
atgattatac ctttattttt acaggaagag atgatgtaac tagagtatgt gtctacagga 420
gtaataatgg ttcccaaaga gtatttttta aaggaacaaa acgagcatga attaactctt 480
caatataagc tatgaagtaa tagttggttg tgaattaaag tggcaccagc tagcacctct 540
gtgttttaag ggtctttcaa tgtttctaga ataagccctt attttcaagg gttcataaca 600
ggcataaaat ctcttctcct ggcaaaagct gctatgaaaa gcctcagctt gggaagatag 660
atttttttcc cccaattac aaaatctaag tattttggcc cttcaatttg gaggagggca 720
aaagttggaa gtaagaagtt ttattttaag tactttcagt gctcaaaaaa atgcaatcac 780
tgtgttgat ataatagttc ataggttgat cactcataat aattgactct aaggctttta 840
ttaagaaaac agcagaaaga ttaaattctg aattaagtct ggggggaaat ggccactgca 900
gatggagttt tagagtagta atgaaattct acctagaatg caaaattggg tatatgaatt 960
acatagcatg ttgttgggat tttttttaat gtgcagaaga tcaaagctac ttggaaggag 1020
tgccataaat ttgccagtag ccacagatta agattatct ttatatatca gcagattagc 1080
tttagcttag ggggaggggt ggaaagttt ggggggggt tgtgaagatt tagggggacc 1140
ttgatagaga actttataaa cttctttctc ttaataaaag acttgcttta caccgtgctg 1200
ccattaaagg cagctgttct agagtttcag tcacctaaag acaccacaa aacaatatga 1260
atatggagat ctctctttac ccctcaactt taatttgccc agttatacct cagtgttgtat 1320
gcagtactgt gatacctggc acagtgcctt gatcttacga tgccctctgt actgacctga 1380
aggagaccta agagtccttt ccctttttga gtttgaatca tagccttgat gtggtctctt 1440
gttttatgtc cttgttccta atgtaaaag ctttaactgc ttcttggttg tattgggtag 1500
cattgggata agattttaac tgggtattct tgaattgctt ttacaataaa ccaattttat 1560
aatctttaaa tttatcaact ttttacattt gtgttatttt cagtcagggc ttcttagatc 1620
tacttatggt tgatggagca cattgatttg gagtttcaga tcttccaaag cactatttgt 1680
tgtaataact tttctaaatg tagtgccttt aaaggaaaa tgaacacagg gaagtgactt 1740
tgctacaaat aatgttgctg tgttaagtat tcatattaaa tacatgcctt ctatatgga 1800
catggcagaa agactgaaaa ataacagtaa ttaattgtgt aattcagaat tcataccaat 1860
cagtgttgaa actcaaacat tgcaaaagt ggtggcaata ttcagtgcct aacacttttc 1920
tagcgttggt acatctgaga aatgagtgct caggtggatt ttatcctcgc aagcatgttg 1980
ttataagaat tgtgggtgtg cctatcataa caattgtttt ctgtatcttg aaaaagtatt 2040
ctccacattt taaatgtttt atattagaga attctttaat gcacacttgt caaatatata 2100
tatatagtac caatgttacc tttttatttt ttgttttaga tgtaagagca tgctcatatg 2160
ttaggtactt acataaattg ttacattatt tttcttatg taataccttt ttgtttgttt 2220
atgtggttca aatatattct ttccttaaac tcttaaaaaa aa 2262

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 54:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
(A) LÄNGE: 1301 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STrang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 54

```

accagcaagc aaccggccga agtctggaag ggcgccggag ccccgccaac cgccccgacg 60
gagcgcagga ggttccccgc cgccgcgcgc ttggccccga gttcctgcag ccgcagccgg 120
cacggaggga gccagccccg accttgcccc gctgcggccc gcggctcccg gccaaacccc 180
cctcaggaaa gaggttttaa aatcaaagat gggaaaatcg gagaaaattg cccttcccca 240
tgccagcgtt gttcatggta tacacttgta tgagcaacca aagataaaca gacagaaaag 300
caaatataac ttgccactaa ccaagatcac ctctgcaaaa agaatgaaa acaacttttg 360
gcaggattct gtttcatctg acagaattca gaagcaggaa aaaaagcctt ttaaaaatac 420
cgagaacatt aaaaattcgc atttgaagaa atcagcattt ctaactgaag tgagccaaaa 480
ggaaaattat gctggggcaa agtttagtga tccaccttct cctagtgttc ttccaaagcc 540
tcctagtcac tggatgggaa gcaactgtga aaattccaac caaacaggg agctgatggc 600
agtacactta aaaacgctcc tcaaagtcca aacttagatt tcagatttca gtatgtgtgt 660
aaaacataat tttcccata tccctggact cttgagaaaa ttggtacaga aatggaaatt 720
tgccttggtg caacatacaa ttgcaaaaga tgagtttaaa aaattacata caaacagctt 780
gtattatatt ttatattttg taaatactgt ataccatgta ttatgtgtat attgttcata 840
cttgagaggt atattatagt tttgttatga aagtatgtat tttgccctgc ccacattgca 900
ggtgttttgt atatatacaa tggataaatt ttaagtgtgt gctaaggcac atggaagacc 960
gattttattt gcacaaggta ctgagatttt tttcaagaaa cagctgtcaa atctcaaggt 1020
gaagatctaa atgtgaacag tttactaatg cactactgaa gtttaaatct gtggcacaat 1080
caatgtaagc atggggtttg tttctctaaa ttgatttgta atctgaaatt actgaacaac 1140
tcctattccc atttttgcta aactcaattt ctggttttgg tatatatcca ttccagctta 1200
atgcctctaa ttttaatgcc aacaaaattg gttgtaatca aattttaaaa taataataat 1260
ttggccccc ctttttaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa a 1301

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 56:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1265 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung

hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 56

```
ccacgtagcc tcgtgccgct gcgtgcagct tctgtctccc tgtttttcta atcaaggggt 60
taggactttg ctatctctga gatgtctgct acttgctgca aattctgcag ctgtctgctg 120
ctctaaagag tacagtgcac tagaggggaag tgttcccttt aaaaataaga acaactgtcc 180
tggtctggaga atctcacaag cggaccagag atctttttta atccctgcta ctgtcccttc 240
tcacaggcat tcacagaacc cttctgattc gtaaggggta cgaaactcat gttcttctcc 300
agtccccctgt ggtttctggt ggagcataag gtttccagta agcgggaggg cagatccaac 360
tcagaaccat gcagataagg agcctctggc aaatgggtgc tcatcagaac gcgtggattc 420
tctttcatgg cagaatgctc ttggactcgg ttctccaggc ctgattcccc gactccatcc 480
tttttcaggg gttattttaa aatctgcctt agattctata gtgaagacaa gcatttcaag 540
aaagagttac ctggatcagc catgctcagc tgtgacgctt gaataactgt ctactttatc 600
ttcactgaac cactcactct gtgtaaaggc caacagattt ttaatgtggt ttcatatca 660
aaagatcatg ttgggattaa cttgcctttt tccccaaaaa ataaactctc aggcaagcat 720
ttctttaaag ctattaaggg agtatatact tgagtactta ttgaaatgga cagtaataag 780
caaatgttct tataatgcta cctgatttct atgaaatgtg ttgacaagc caaaattcta 840
ggatgtagaa atctggaaag ttcatttcct gggattcact tctccaggga ttttttaaag 900
ttaatttggg aaattaacag cagttcactt tattgtgagt ctttgccaca ttgtactgaa 960
ttgagctgtc atttgtacat ttaaagcagc tgttttgggg tctgtgagag tacatgtatt 1020
atatacaagc acaacagggc ttgcactaaa gaattgtcat tgtaataaca ctacttggtal 1080
gcctaacttc atatatgtat tcttaattgc acaaaaagtc aataatttgt caccttgggg 1140
ttttgaatgt ttgctttaag tgttggctat ttctatgttt tataaaccaa acaaaaattt 1200
ccaaaaacaa tgaaggaaac caaaataaat atttctgcat ttcaaatgaa aaaaaaaaaa 1260
aaaaa
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 57:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 274 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

WO 99/47655

PCT/DE99/00909

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 57

```

attgcgagtt tttttgtttg ttgtttcaat gtgacttgtc gtttatttca atgaaaattt 60
aaatgattct tacaaatcct ctgaaaagta aaactgatac ttttataaac agaagtatat 120
gcaaacagtc acaatatgca ttaggacgac tgacgatatt tcttacatgc cagggagttc 180
ttccatccca gcaaacacct cttatctgaa agtggttttt ctcctataaa ttggcatcta 240
agggattttt aaaaagtcaa aaacagtggc aggg 274

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 58:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2073 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STrang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 58

```

taaatattcca aatgttcact cgaggatctt agaaaccaac catacagacg agccgatgag 60
gtgaggagaa gcgtcaggcg gcgctttgat gatcagaact tgcgttctgt taatgggtgcc 120
gaaataacaa tgtgaacctg agactggcct gcatgaatac aggggtgtgag tgaatgaaac 180
tgcccatcatg aactttatgt gctacgattt aactgcagcc ttgaacacac acaaaaatat 240
tcttaagggc tcagatttag caaacacaga agaattttta aatgagctct cctttcaacc 300
cttgtaacaa agtgcctaaa aatggaagta cctgttcaga ttaatcaaag caataggatt 360
tgatttgatt aggtatcttt ttacaccagt atgttatttt taaccaaaat gtaaagttct 420
tattaaactc attacctgcc attgtgattg tcccatcatg gccacactgg ttccctgatg 480
ttgtaataaa catcaatgca tctgctgtgg gtcctttgct gagatgtctt cgaaggaatt 540

```

```

ttgttttagc catatccatc aactttgtat tttacttgca atttggaaga aggaaagtca 600
catgatgaaa ctccctttgt ctataaccag gccctggcaa agtgcaaaca ggatgcaact 660
gcagtggcac aaaggtcact caatcccttg tttccagttt cacattctac tactttctgtg 720
ctagagaacg atgctctgtg agaggcattc actagtatga atgtggggat atagtgtata 780
agacttattt gcagtactgt gttcttcagc tagaggcagc tttttaata atgcaagtgt 840
atattattagc attaaaatta acatctcagt aatcagcatt agcatttctg aggaccatta 900
ttaattctga gaacagaaat tgggtgccttg caaggaagtt tactagctct atcaacaagc 960
attcaaggtt acatctgcta gcagagtagt gtttaggaacc tggccttact ctccctctgac 1020
aatcgcaatt ttttcttatt ttttataaat tcaagaagat acacttggca tcgtgtatcg 1080
aggctaagtt tttcatgcat ttcccagact acttatggag aattgcagtt taagttgctg 1140
aaaagtatta acatggtatt aagcttaaat aatacgtaat gggactagat ggcccactaa 1200
gccactgtta ttttccctcc tctctggcag ggcacttgat ccattccaaa gtcaaaaact 1260
ggactgaagc taaatttgta cttttcataa tatacattct gcttctggct tatctcttg 1320
gtacatcaat atattaattg taaagtttat tgtatagtat ttaaccgctg aagttcctat 1380
tttatgttgt gcttatgtga accccttggt gaaggccctt tttccttgga tgtgtagtta 1440
tatgatcttt ttaaatgtac agatattttg ctataaaatc ggtgcagttt tttatggttt 1500
ttacacttct cttaattcc cacctaagcc tctgggtaat attgtaaata ttgttttaaa 1560
atgcatcagc ctatgctata caatctgaat gttattttta cttatagttt tttttaatat 1620
atatatttaa ctataaggac agtttaggga acaagttacc taccacattt cacttttagt 1680
tacctattta cagaaagatt aaactgccac ctgcgggcac attcccataa atgtgtactt 1740
tactttaaaa agaacatgcc acgattttgt ctttctgtgg actcaacatt cacttcgatt 1800
aaaaatagca atttgaccaa gttggacttc cactacaaag cagctgtttt ccaaagttca 1860
atgctgacat atatgtatat taaaataatt gcctatttat taatctacaa atagacaacg 1920
ttggcatgtt cttttctgtt tgtctattaa tgggcctgct tcttagcaat attagaatgt 1980
tttataaaaag caattcatgt tacttttctg gtcttttcat ggcatatgag caaataataa 2040
actatttaca ctactagaaa gaaaagagaa gaa

```

2073

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 59:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 850 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

## (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

## (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

## (iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 59

```

ctattacaca tgagggtttt aatgtattta gacctgacaa taggggtgtc acttagatgt 60
gatctcagtg ttgtgggtaa ctttgtgtgt ctttaattcg aaatctggaa catagatgat 120
qattttttcc tttgaattaa cttaatgtgt tctcttcctt acagatttca gaacttatat 180
ttccacctct tccaatgtgg caccctttgc ccagaaaaaa gccaggaatg tatcgaggga 240
atggccatca gaatcactat cctcctcctg ttccatttgg ttatccaaat caggggaagaa 300
aaaataaaacc atatcgccca attccagtga catgggtacc tctcctgga atgcattgtg 360
accggaatca ctggattaat cctcacatgt tagcacctca ctaacttcgt ttttgattgt 420
gttgggtgtca tgttgagaaa aaggtagaat aaaccttact acacattaaa agttaaaagt 480
tcttactaat agtagtgaag ttagatgggc caaaccatca aacttatttt tatagaagtt 540
attgagaata atctttctta aaaaatatat gcactttaga tattgatata gtttgagaaa 600
ttttattaaa gttagtcaag tgccaaagt tttaatatgt gacttgagta tttatatatt 660
gtgcatcaac tctgttggat acgagaacac tgtagaagtg gacgatttgt tctagcacct 720
ttgagaattt actttatgga gcgtatgtaa gttatttata tacaaggaaa tctattttat 780
gtcgttgttt aagagaattg tgtgaaatca tgtagttgca aataaaaaat agtttgaggc 840
atgaaaaaaa
850

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 60:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2091 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

## (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

## (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

## (iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 60

```

aagagacaga ctattaactc cacagttaat taaggacgta tgttccatgt ttatttggtta 60
aagcagtgtg aatagccttc aagcatgtga ataactcttc atcttccccg ccgctttttg 120
tttctttcag gtagacacct tttaaaatgc agaactaact gaggcatttc agtaactttg 180
ctttcaaatc aataaagtca aatgtatgga aacattttgt gccctactct ccataccccg 240
tgtactcaaa ttctctactg tatgaattat gctttaagta gaattcagtg ccaaggagaa 300
cttgggtgaa taaattattt taattttttt tttatccttt acaaagccat ggatttttatt 360
tggttgatgt gtgctctgta cacaagccat ttcaatagga tggagctgtt aattattttc 420
caaagagtaa tagacatgca aaagtttcaa taaaaactgg gccattaaca aataaattaa 480
taaactaata agcattccct tctaggtttt tgccaaactg cctatccaat aacaaatttg 540
agaatcggtg aaaaagctag ttatatttca gagaaatgat ttccattatt gaaactgttc 600
tccctagcag gccattttcc ctttttcctg ggagtttagc aagtttagga gagaatagtc 660
atgaaaagaa aggggaagaa ggggagaagg gaagagggtta aaaa-aaagt gctcagacct 720

```

```

atgaacgtaa tccctttgct agaaatattt aagagcagct cagcttggtt gaaactgagt 780
tttgatcatc tccatatttg caggaaggta tttctgact tgcaatgcag ctgatgttaa 840
aattttattt tatcatccta gaaagccttg actagaaaaa tgaataaata ttgaggggtt 900
cctgtccata tctggcttgc atgtgccaga aagcagagaa tagaaaatgt aatctccaac 960
atccaagcat cgaaacccaa ggggtaggca attctatgta ggttttggac atgaagtttg 1020
gtgcatcttg gtttatgctg gctcaactgc tattaacact ctctggctta tagtctctc 1080
attctattag acaagcacgt atcgaacact tgcttcgcac aaggctcttt agttaacaat 1140
ttagcagcta ctgtttgtgt taaacacact tttcaccaaa taggttctga ggcaaacgag 1200
agcaatgact atttaaagaa aggttttccc agcatcactt acacatccca aaactaaaaa 1260
gatcaactct tccaactgag aaaagactcc tggctttgaa tggaaactta cagcagagag 1320
tcacaggcca cggcaacaac aacgacaaca acaaacattt ggaatattat tctcaactca 1380
cgttttaata atacatctta ttatttttct agtagagaaa ctacaaatca gcctcttcaa 1440
catttatata cagtttaata agcctcttgc aagttacttg ttctctcacc tgaggtattt 1500
ttttctccc cacttgccc ctgttctctc ctctctctc tccctttgca agaggaaata 1560
tttaacatat ttgggtccaa ctccaataat gtaataatta atacattaaa agcatttaac 1620
ttcctttcta gaaaaatgca caggctaagg catagacaaa acaaagagaa atgctgagaa 1680
atgtgccact ggagacaagc aatctgaata aatatttgcc aaaagttctt tttatgtcat 1740
atagtgtcag gatttgaagg agctattttt ttttaatggt gcaactagca actcatcttc 1800
ggaagacaca gccaggagaa tgaagtagaa gtgaaagggt tataaatcca ttgttaagca 1860
tttatcccat atattttaaa ttcaagaaaa attgtgttta tctttagaat ttgtattca 1920
atactttatg tactatgtga ctcatgcttc tggataaata aagcaccaaa tatgtatctg 1980
taaccacaat cacacatatt atattaaata tatatctata taacagccaa aaaaaaaaaa 2040
agaagagaag aaaaagaaag gagagggggg gggagagaag gggggggagg t 2091

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 61:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2952 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 61

```

ctcgtcccaa accaggacac cctctctaca gtaaatacat gcgtggggat gtacttgtga 60
tgctgaagca gacggaaaat aattacttgg agtgccaaaa gggagaagac actggcagag 120
ttcacctgtc tcaaatgaag attatcactc cacttgatga acatcttaga agcagaccaa 180

```

```

acgatccaag ccacgctcag aagcctgttg acagtgggtgc tctcatgct gtcgtttcttc 240
atgatttccc agcagagcaa gttgatgatt tgaacctcac ttctggagaa attgggttat 300
cttctggaga agatagatac agattggtac agagggaact gtagaaacca gattggcata 360
tttctgcca actatgtcaa agtgattatt gatatcccag aaggaggaaa tgggaaaaga 420
gaatgtgttt catctcattg tgttaaaggc tcaagatgtg ttgctcgggt tgaatatatt 480
ggagagcaga aggatgagtt gagtttctca gagggagaaa ttattattct taaagagtat 540
gtgaatgagg aatgggccag aggagaagtt cgaggcagaa ctgggatttt cccctgaac 600
tttgtggagc ctgttgagga ttatcccacc tctggtgcaa atgttttaag cacaaagta 660
ccactgaaaa ccaaaaaaga agattctggc tcaaaactctc aggttaacag tctccggca 720
gaatgggtgtg aagctcttca cagttttaca gcagagacca gtgatgactt atcattcaag 780
aggggagacc ggatccagat tctggaacgt ctggattctg actggtgcag gggcagactg 840
caggacaggg aggggatctt cccagcagtg tttgtgagc cctgccagc tgaggcaaaa 900
agtatgttgg ccatagtacc gaaggggcag gaaggccaaa gccttatatg atttccgagg 960
ggagaatgaa gatgaacttt ccttcaaggc tggagatata ataacagagc tggaatctgt1020
agatgatgac tggatgagtg gagaacttat gggaaaatct ggaatatttc caaaaactal080
catacagttt ctacagatca gctagaggag aagcttgtct gtgttccttg gcacaagaac1140
tcacttgaac tatcaccttg actatcagat atgtttttgc actatttttt ttaactgaaa1200
aagaaatatic taagctgtac atggtacact agaattttct gaaagcagaa aacgttcaga1260
ttttgtagtt aattttcatt acaatagaaa catgcacatg gaaacccatg agctaggatt1320
ctaccgagga aaacatctag tgggattagc aaggtgaagg gaaagcatct ggtggcatgg1380
cagcatgggg aggtctcacac acagaagttg cacgtggaca tctgttttaa tcagcacaag1440
tgaattaacc atgcttcttc atttttttac tttagttaa aaagaggaca tttaatattc1500
tacatgctgt aactatcagg acatggttag caatctcaat ttcatttttg atattcaa1560
taattcttac agcttgagca tatcagcctt attaccagag caaatccttc cttcagatgg1620
gatagtttac tgactagttg gagcatttgt aagcacatgg tgaaatcagc ccctgccac1680
caaaataatc tttatgttac caagtgattc ccatttgtct aaggatttga aggggtctal740
aattggatgt atcttagtct aaagaaccaa aaccatccct gaaatgcctt gctaatacaal800
ctaactcctc catatatgtg ccatacttat tttttcttc agtgtatact ttatgttaac1860
agggttatta caaagcacat tttctgaatc tgcaatcatt cctttgacaa ttactggacc1920
caaaggaaaa ttcattttct ttgcattatt ccagtaatat ataaaaactg tgtctgtt1980
tagtagtaca ttatgaatca catataaaat cttacaatac agaacaactg ttaagatgga2040
aaacagtgcc aaacctccac agctcatttc tttgtaatat aatcagaatg aaaaataatt2100
taagaggaca gaagactggt acttttttgt tttatttttt ctctagctta tcctgcaca2160
attattagag tgaatgaaaa accactttcc tgctttccat tgttataaat tctaagctta2220
agataaaagt ggttctttac atgactgaat caattacaat ttatgggcta gagccaaata2280
ggttgaagac aatcatccaa acagatcaat ggaatagaat ttcattggaa atgtaaaaca2340
ctttcccaac aatggtcatg actttcttct gtttttgaga agagtttcat atgctggacc2400
acatttttag ttttattgtt tttttttcc cattgtccaa aaagttaagc aacaagtggc2460
cacactttta cgtgactaca acctggagtt ctgcaaagaa ggtaatat tttggtctt2520
tgactaaagt tatctcccca ttctatggtt acattttatt ttggactatg gggacttcta2580
atacgttttg gtaaagaaga gagtataaag aaaattcttg tcaaatttca ctcaaaagta2640
atttcatgag aaatcaatga tttaaagcat tatccaaatt aaattatcat ttgcagcaaa2700
ctgtacaaca gcaggaagga tatggaatgg aacatgaggt atatatcttt gcctttataa2760
ttttaacatc ttatattgaa gattctgaaa acctatcttt attagaggaa aatctcaatc2820
ttcagttttg gccttctgtc accagaatga taagtgcaat agttgtaaat ctacttgaca2880
ctgtaataaa ctgaactgaa ctttcaaaat ccctttctca tactagactg agttttttga2940
gaatggaggt gg
2952

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 62:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2313 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear



(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 62

```
cataatagtt aactctactt actgttttaa catacatttg atttaacaaa ttgttcagca 60
taacacttct aattaagttt atcaagttgt actgtattag ataatcagca gtgtatctgg 120
agtatgttta aagagaacag ttcgcaatac aaaaagttac atggagcttt acatcttaac 180
tttctttgtc aatttaaatg caatgtataa aaagtttatt ttgctattgt gaaaaactaa 240
atgtaaagga aatcacctac tttcatgcag gtgtataatc ttgaaaagga aaaatgcttc 300
catgttgaag ccagattttc tgtagtaaaa cttttaaata ttattttaaa agaaatatgt 360
atataaatat ctctatatcc tttggaatga tactaaagtc tctggcttag gaccatacct 420
tatataaagg tataagagac catgacaatg tctgaaaatg gaatagataa tgatgccttt 480
tattttaaagt ggcccacata atatacattg agtactccat ctctccaaat gtatttccat 540
aatgtgttga aaacatgcta acattttgtat gattttttata cttctgccga atagacttag 600
aatcagatga attgtctgtg tgtcttgcaa aagagtggg gacaacttgg gcaggcctat 660
gaagtgcata gggagtgtat gtcttctgaa tggttttatt gttcttgtaa tctagcttaa 720
agaaatgtta actgggaggg tgcctgaggcc actcactgca ttaattttgt gtgttttagag 780
ttctgttgtc aaaagaaaac taatgaataa attagtttgt cattctagaa tttaaagtcc 840
taagattagt ataaagagta tatagattgt taatccccac cagctagact ttgaacttaa 900
gtcagactta aagatttgag aaattatttg tgcattttac tagacgtgat ttttagttct 960
gtttgattat atttccctaca caaacttctt atttaacagg atagcctact aaattaaatg 1020
tttcttattt cacttaactc atttgattaa actgtattct aaaacatttg gggtttttcc 1080
ccctattcag ttttaactct ggaatatgca tttgtaaaat gtgatgtcat tgagactata 1140
tttatatttg acttggaac attaacatgt cctaagactt agtgagaga agctggcag 1200
tacgttcttt gacttaagga tggcataaaa taatcatttt tgaacctgtg taataaagct 1260
tgaaagcagg gaaaagaatt tccttttccc ctttttttgt gttgtctata ggaattaa 1320
tgggattgtt ttgtgggttt ttgtttgttt taaatgtaaa ttgagaatct tttataaga 1380
ataaaagcat tattgggtgc ctttgtttgt aaaccaaaaa gtaataaatg aatccctata 1440
tttccattat agtattttat gtatttttat gttctgaaaa ttacccatgg aacaatatgc 1500
ttaggattac aggaagcagt ccttacttac acttcttgtc tgttttaggt gtactgttta 1560
attcttatgt cctaatttta ttttaattctg agttccttac acagcatttt agggaaaga 1620
tacaggcagg atgacacttt gtgttaaagt gttattttta tgtattacct ggaatgaggc 1680
aggttttttt ctgttttcta aaaagagtaa ccaagatacc tccagggtgt cattgggttc 1740
cagctgctct cctccacatt gaatgatata ttgttaattt ataggcacat ttgtggta 1800
ttatatgtct atagagtaag tataagagat aattcattag taataggaat taactgaccc 1860
cttttgatg ggggagagca tcaggctggg gtcaggtaag tgtaaatggc cttctgagca 1920
tgctcttcta ggctgactcc cagccctgac ttgaaaccat tagcgctaac ttgctctgtt 1980
ttgagaaaaa ctttccaaac ttttgcatga gaaactagaa aaaggaatgt atgccacgta 2040
actggattac agaaatgagt taattgtctc tgtgataaaa aaaaaaatg aaatattttc 2100
ttattgaatt aatatttttg tcttgaagca ttttctagtg atagaatgta tttgtctttt 2160
ttctgggtgg taccctctta gcatatatct ttgctatcct taagatccta aacaaatcat 2220
```

ctttgtcagt taagtatagt tgcgcaaaaa ttgttaaate ctttgtcttt attaaagaaa2280  
 aatttgagta acaaaaaaaaa aaaaaaaaaaaa aaa 2313

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 63:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1650 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 63

```

ccgcggggct  gggggagctc  ggggagcctg  cgggaccggg  ggagcccga  ggccaggggg  60
atcccgcggc  ggcgccagg  aggcggagga  gcaggcggtg  gaggcgagg  aggaagagga  120
gcaggacttg  gatggtgaga  aggggccatc  atcggaagg  cctgaggagg  ggggacggag  180
aaggcttctc  cttcaaatac  agccccggga  agctgagggg  aaaccagtac  aagaagatga  240
tgaccaaaga  ggagctggag  gaggagcaga  gaactgaaga  ataacgaagt  tatccttagc  300
gtcctcctaa  aggttttcc  ttttggcatc  ttaaaagctt  gagagataaa  acggaacccc  360
cagagaggag  tctgggcagg  ctcccagggt  gcatgctgcc  tccataaatc  tgctgagctc  420
tagacctca  atcaggactt  gtcccttggc  tagcaggatc  ctgggaacac  ctttggccct  480
gccctgtgta  gagatgttca  tgtctgttcc  tgtgggtcac  tttgttaagc  tgaagagttt  540
taagaggtag  agctcagacc  ctggactggg  atttttctta  ccactcaaac  ttgctatcca  600
cacaccctgc  acaccttaga  taaaaagaac  attttaaaag  cagagttcac  tttcactcca  660
gtctccctc  ttttgcctc  actgaagcca  aaccacagaa  gactttgagg  aatgagagac  720
aaatgaggta  gagctcacct  gtgctacca  gctccgtcag  ggtggtcagc  cgaccccttt  780
ccctgggaac  cccacttctc  tctgtggctg  gcttgggtgt  cgggggtgag  atgccatatt  840
gattacagg  cagcaaagaa  ccagtaccag  gaatttactt  gaccattccc  ctattttttc  900
atctagagga  atctcggtt  cagccctttc  attgctaaga  cactttttca  ctgaggttct  960
taccagctca  gccaaatctc  cactctgcta  tagcagaagc  aataatgttt  gctttaaaaa  1020
gatttcttga  cctatgcctt  ttcttagaaa  gtttgataga  ttagttagaa  cttcagatca  1080
tcagatcagt  ctcaaatggg  tttcttgaaa  ttttatattt  gacaatattt  atactatacc  1140
aaactcattt  gcagttctta  ggtttgttgg  ttaaaacatt  tttttaagc  agtaagttaa  1200
tagaaaatgt  tttcatttaa  tggaaggctg  gggaatgtcc  agcatcaacc  cctatggcat  1260
gcattcccag  tggccttctc  atctgggctt  ggaacctttg  gttcagggtt  taggggagaa  1320
caggccacat  ggcaacagcc  acacagtcac  tgccttcaac  acagagccac  gtgtcccca  1380
acagcaatag  tcatgccctt  gtccaggctg  ggaatcaatt  gatacaatag  gtcgttgact  1440
ccctcctagt  agagctatct  aggtttgtct  ggaaagtttc  cgaccctggc  ttataggcac  1500

```

cacacctcat gtactcctca tggcttggat ctctgtatc agcctttgtt cagtccaata1560  
 aactttgagt agatgatctc aaaaaaaaaa aaaaaaaaaag gggagaaggg aagaaggaga1620  
 gggcacaag gcggaatggg ggtgagcttt 1650

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 64:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2851 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

## (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

## (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

## (iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 64

cgccccgcgc cgccccgcgc ctgtcagctc cctcagcgctc cgccccgagcc gcggtgtatg 60  
 ctgagccgct gccgcagccg gctgctccac gtcctggggc ttagcttccct gctgcagacc 120  
 cgccggccga ttctctctg ctctccacgt ctcatgaagc cgctggctgt gttcgtctc 180  
 ggcggccccc gcgcgggcaa ggggacccag tgcgcccga tcgtcgagaa atatggctac 240  
 acacaccttt ctgcaggaga gctgcttctg gatgaaagga agaaccaga ttcacagtat 300  
 ggtgaactta ttgaaaagta cattaagaa ggaaagattg taccagttga gataaccatc 360  
 agtttattaa agagggaaat ggatcagaca atggctgcca atgctcagaa gaataaattc 420  
 ttgattgatg ggtttccaag aaatcaagac aaccttcaag gatggaacaa gaccatggat 480  
 gggaaggcag atgtatcttt cgttctcttt ttgactgta ataagagat ttgtattgaa 540  
 cgatgtcttg agaggggaaa gagtagtggt aggagtgatg acaacagaga gagcttgaa 600  
 aagagaattc agacctacct tcagtcaaca aagccaatta ttgacttata tgaagaaatg 660  
 gggaaagtca agaaaataga tgcttctaaa tctgttgatg aagtttttga tgaagttgtg 720  
 cagatttttg acaaggaagg ctaattctaa acctgaaagc atccttgaaa tcatgcttga 780  
 atattgcttt gatagctgct atcatgacc ctttttaagg caattctaatt ctttcataac 840  
 tacatctcaa ttagtggctg gaaagtacat ggtaaaacaa agtaaatttt tttatgttct 900  
 tttttttggt cacaggagta gacagtgaat tcagggttaa cttcacctta gttatggtgc 960  
 tcaccaaacg aagggtatca gctatttttt tttaaattca aaaagaatat cccttttata1020  
 gtttgtgcct tctgtgagca aaacttttta gtacgcgtat atatccctct agtaatcacal080  
 acattttagg atttagggat acccgcttcc tctttttctt gcaagtttta aatttccaac1140  
 cttaagttaa tttgtggacc aaatttcaaa ggaacttttt gtgtagtcag ttcttgacal200  
 atgtgttttg taacaaaact caaatggat tcttaggagc attttagtgt ttattaaatal260  
 actgaccatt tgctgtagaa agatgagaaa acttaagctt tgttttacta caacttgtac1320  
 aaagtgtgat gacagggcat attctttgct tccaagattt ggggtggggg cactaggggt1380  
 tcagagcctg gcagaattgt cagcttttagt ctgacataat ctaagggtat ggggcaaggal440

```

tcacatctaa tgcctgtggt ccttatactc tattatatag tgttattcat gattcagctg1500
atcttaacaa aattcgtagc agtggaacct tgaaatgcat gtggctagat ttatgctaaa1560
atgattctca gttagcattt tagtaacact tcaaagggtt ttttttggtt gttttctaga1620
cttaataaaa gcttaggatt aattagaaga agcaatctag ttaaatttcc catttgtatt1680
ttattttctt gaatactttt ttcatagtta tttgtttaa aagattttaa aatcattgca1740
ctttgggtcag aaaaataata aatatatctt ataaatgttt gattcccttc cttgctattt1800
ttattcagta gatttttggt tggcatcatg ttgaagcacc gaaagataaa tgatttttaa1860
aaggctatag agtccaaagg aatattcttt tacaccaatt ctccctttaa aaatctctga1920
ggaatttggt ttgcgccttac ttttttttct tctgtcacia tgctaagtgg tatccgaggt1980
tcttaatatg agatttaaaa tcttaaaatg tttcttattt tcagcactta catcatttgg2040
tacacagggc caaatagggc aaataatttt gtctttgtat aatagatttg atatttaaag2100
tacttggaat taggacaagt taatggatgt ttttatattt taatagaatc atttatttct2160
atgtgttatg aaattcactt aatgataaat ttttcaacat acttgccatt agaaaacaaa2220
gtattgctaa gtactataac atattggcca ctaaaattca tattgagatt atcttggttt2280
cttggaagag ataggaatga gttcttatct agtggtgcag gccagcaaat acagagggtg2340
tttaatacaa cagctctagt atgaagcaag agtaaagact aagggttctga gagcattcct2400
actcacataa gtgaagaaat ctgtcagata ggaatctaaa tatttatagt gagattgtga2460
aagcaacctt aaagttttga agaagactga tgagactagg tgctttgctt ctttcatca2520
ggtatctttc tgtggcattt gagaacagaa accaagaaac atggtaatta cttaaattatg2580
aggctttgct ttttggttgc ttttaagtag aaaaacatgt tggcaacatt gagttttgga2640
gttgattgag ataatatgac ttaactagtt ttgtcattcc atttgttaaa gatacagtca2700
ccaagaatgt tttgagtttt ttgaaagacc ccaatttaag ccttgcttat ttttaaatta2760
tttccattca gtgatgttg atgtatatca attatttagt aaataatctc aataaatttt2820
gtgctgtggc ctttgctaaa aaaaaaaaaa t 2851

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 65:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1071 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

## (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

## (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

## (iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 65

```

attccaaaca tggcggtccc actagggggt atgttttctg ggcagccacc cgggtccccc 60
caggccccgc cgggccttcc gggccaagct tcgcttcttc aggcagctcc aggcgctccc 120
agaccttcca gcagtacttt ggtggacgag ttggagtcac ctttcgaggc ttgctttgca 180

```

```

tctctggtga gtcaggacta tgtcaatggc accgatcagg aagaaattcg aaccggtggt 240
gatcagtgtg tccagaagtt tctggatatt gcaagacaga cagaatgttt tttcttacia 300
aaaagattgc agttatctgt ccagaaacca gagcaagtta tcaaagagga tgtgtcagaa 360
ctaaggaatg aattacagcg gaaagatgca ctagtccaga agcacttgac aaagctgagg 420
cattggcagc aggtgctgga ggacatcaac gtgcagcaca aaaagcccgc cgacatccct 480
cagggtcctt tggcctacct ggagcaggca tctgccaca tccctgcacc tctgaagcca 540
acgtgagcaa agggcagagg cagttggcct atgagtgggc tgatgcgtga ggttggccac 600
acattccttc ctgtggactt gacattttgg aagaactctt tgccagataa tgagttcatt 660
ttagttttat gctccattg aaaaaatttc cactattttt ataagctgtt aatttcttga 720
gtactttata acatgtctgt agcttgata aaccaagtaa gtattttttt tttgtcttta 780
gcgaagttaa gactgtgaat atgatgacac agattctttt ttatggtggc tttgcttgtt 840
ttaaattttt gcatgacttt tcatcttttt atgtgtgttt cctgtagttt gatccgaagg 900
aaaagagtat agtagcctga gaatcaggag atgggagttt tagtcgtagg ccttatgata 960
attaccccg cgtgtgtgtg agaaaagtat gtaaatttgc tctgttttaa gactttgaac 1020
tacctcaaga agaggaatct aatacaatat ttgtaatggt tccagaaaaa a 1071

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 66:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2375 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 66

```

agcttgccaa ttctgtaact ccttgggata tcttgcgtgag ctttaattgca gctgccactc 60
atgatctgga tcatccaggt gttaatcaac ctttcccttat taaaactaac cattacttgg 120
caactttata caagaatacc tcagtactgg aaaatcacca ctggagatct gcagtgggct 180
tattgagaga atcaggctta ttctcacatc tgccattaga aagcaggcaa caaatggaga 240
cacagatagg tgctctgata ctagccacag acatcagtcg ccagaatgag tatctgtctt 300
tgtttaggtc ccatttggat agaggtgatt tatgcctaga agacaccaga cacagacatt 360
tggttttaca gatggccttg aaatgtgctg atatttgtaa cccatgtcgg acgtgggaat 420
taagcaagca gtggagtga aaagtaacgg aggaattctt ccatcaagga gatatagaaa 480
aaaaatatca tttgggtgtg agtccacttt gcgactgtca cactgaatct attgccaaca 540
tccagattgg ttttgggtgtg tacctagtgg agcctttatt tacagaatgg gccaggtttt 600
ccaatacaag gctatcccag acaatgcttg gacacgtggg gctgaataaa gccagcttga 660

```

```

agggactgca gagagaacag tcgagcagtg aggacactga tgctgcattt gagttgaact 720
cacagttatt acctcaggaa aatcggttat cataaccccc agaaccagtg ggacaaactg 780
cctcctggag gtttttagaa atgtgaaatg ggggtcttgag gtgagagaac ttaactcttg 840
actgccaagg tttccaagt agtgatgcca gccagcatta tttatttcca agatttcctc 900
tggttgatca tttgaaccca cttgttaatt gcaagaccgg aacatacagc aatatgaatt 960
tggctttcat gtgaaacctt gaatatgcaa agcccagcag gagagaatcc gaaaggagta1020
acaaaggaag ttttgatatg tgccacgact ttttcaaagc atctaactctt caaaacgtga1080
aacttgaatt gttcagcaac aatctcttgg aatttaacca gtctgatgca acaatgtgtal140
tcttgtaact tccactaagt tctctctgag aaaatggaaa tgtgaagtgc ccagcctctg1200
ctgcctctgg caagacaatg tttacaaatc aactctgaaa atattggttc taaattgcct1260
tggagcatga ttgtgaagga accactcaaa caaattttaa gatcaaactt tagactgcag1320
ctctttcccc ctggtttgcc tttttcttct ttggatgcca ccaaagcctc ccatttgcta1380
tagttttatt tcatgcaactg gaaactgagc atttatcgta gagtaccgcc aagctttcac1440
tccagtgccg tttggcaatg caattttttt tagcaattag tttttaattt ggggtgggag1500
gggaagaaca ccaatgtcct agctgtatta tgattctgca gtgaagacat tgcattgtgt1560
tttactact gtacacttga cctgcacatg cgagaaaaag gtggaatgtt taaaacacca1620
taatcagctc aggggtattg ccaatctgaa ataaaagtgg gatgggagag tgtgtccttcl680
agatcaaggg tactaaagtc cctttcgctg cagtgaagtga gaggtatgtt gtgtgtgaat1740
gtacggatgt gtgtttgcgt gcatgtttgt gcatgtgtga ctgtgcatgt tatgtttctcl800
catgtgggca aagatttgaa atgtaagctt ttatttatta ttttagaatg tgacataatg1860
agcagccaca ctcgggggag gggaagggtt gtaggtaagc tgtaacagat tgctccagtt1920
gccttaaact atgcacatag ctaagtgacc aaacttcttg ttttgatttg aaaaaagtgc1980
attgttttct tgtccctccc tttgatgaaa cgttaccctt tgacgggcct tttgatgtga2040
acagatgttt tctaggacaa actataagga ctaattttta acttcaaaca ttccactttt2100
gtaatttggt ttaaatgtt ttatgtatag taagcacaac tgtaatctag ttttaagaga2160
aaccggtgct tcttttagt tcatttgtat ttcccttgtt actgtaaaaag actgtttatt2220
aattgtttac agtttggtgc aacagccatt ttcttgggag aaagcttgag tgtaaagcca2280
tttgtaaaag gctttgccat actcatttta atatgtgcct gttgctgtta acttttgatg2340
aataaaaacc tatcttttca taaaaaaaaa aaaaa 2375

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 67:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1823 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 67

```

gtcaggataa ccttaaggat agatgaaggg ttgagagcct gtgcctcatt tctgagttct 50
cagctgctat gccgtggaaa tectgtttac tttctgcac tgctcctgca agactctgga 120
gccagtcttg aggtcctaca tctccgaaag caagctcttc tagaagttga tagctttcca 180
atgattagac gaattgattc tttctgtgac tcatcagttc atttctgtga aaattcatgt 240
cttgctgttg atttgtgaat aagaaccaga gcttgtagaa accactttaa tcatatccag 300
gagtttgcaa gaaacaggtg cttaacacta attcacctcc tgaacaagaa aaatgggctg 360
tgaccggaac tgtgggctca tgcgtggggc tgtcattggg gctgtcctgg ctgtgtttgg 420
aggtattcta atgccagttg gagacctgct tatccagaag acaattaaaa agcaagttgt 480
cctcgaagaa ggtacaattg cttttaaaaa ttgggttaa acaggcacag aagtttacag 540
acagttttg atctttgatg tgcaaaatcc acaggaagtg atgatgaaca gcagcaacat 600
tcaagttaag caaagaggtc cttatacgtg cagagttcgt tttctagcca aggaaaatgt 660
aaccaggac gctgaggaca acacagtctc tttcctgcag cccaatgggt ccatcttcca 720
accttacta tcagttggaa cagaggctga caacttcaca gttctcaatc tggctgtggc 780
agctgcatcc catatctatc aaaatcaatt tgttcaaatg atcctcaatt cacttattaa 840
caagtcaaaa tcttctatgt tccaagtcag aactttgaga gaactgttat ggggctatag 900
ggatccattt ttgagtttgg ttccgtacc tgttactacc acagttgggt tgttttatcc 960
ttacaacaat actgcagatg gagtttataa agttttcaat ggaaaagata acataagtaa 1020
agttgccata atcgacacat ataaaggtaa aaggaatctg tctatttggg aaagtcactg 1080
cgacatgatt aatggtacag atgcagctc atttccacct tttgttgaga aaagccaggt 1140
attgcagttc ttttcttctg atatttgcag gtcaatctat gctgtatttg aatccgacgt 1200
taatctgaaa ggaatccctg tgtatagatt tgttcttcca tccaaggcct ttgcctctcc 1260
agttgaaaac ccagacaact attgtttctg cacagaaaaa attatctcaa aaaattgtac 1320
atcatatggg gtgctagaca tcagcaaattg caaagaaggg agacctgtgt acatttctac 1380
tctcatattt ctgtatgcaa gtctgtatgt ttcagaacct attgatggat taaacccaal 1440
tgaagaagaa cataggacat acctggatat tgaacctata actggattca ctttacaatt 1500
tgcaaaacgg ctgcaggta acctattggg caagccatca gaaaaaatc agtgagtcct 1560
ttgaaaatgg gtattttgat atgatctgta gtatcgtagt atcttcttgt aaggacatga 1620
gtaaattctat gtaagtaagt gggaataaca tctggatatca acttatcttt agcttaatgt 1680
caccaatcag tattaatgc ttatgactaa tttcacagat tttggaatgg ttttatgggt 1740
ttatttgagc atttgatagc atctctgatt ttgttagctg cgcaaatatt tctatgacaal 1800
taattaattt ttggaattca tat

```

1823

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 68:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2403 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 68

```
tgaaactcct gttttccgaa gatcagcaag gcggttctct ggaacagctg ctgcagaggt 60
tctcatcaca gtttgtgagc aaaggcgact tgcagacgat gctgcgagac ctgcagctgc 120
agatccctgcg gaacgtcacc caccacgttt ccgtgaccaa gcagctccca acctcagaag 180
ccgtggtgtc tcctgtgagc gaggcggggg cgtctggaat aacagaggcg caagcacgtg 240
ccatcgtgaa cagcgccttg aagctgtatt cccaagataa gaccgggatg gtggactttg 300
ctctggaatc tgggtggtggc agcatcttga gtactcgctg ttctgaaact tacgaaacca 360
aaacggcgct gatgagtctg tttgggatcc cgtctggtta cttctcgag tccccgcgcg 420
tgggtcatcca gcctgacatt taccctggta actgctgggc atttaaaggc tcccaggggt 480
acctggtggt gaggtctctc atgatgatcc acccagccgc cttcactctg gagcacatcc 540
ctaagacgct gtcgcccaaca ggcaacatca gcagcgcccc caaggacttc gccgtctatg 600
gattagaaaa tgagtatcag gaagaagggc agcttctggg acagttcacg tatgatcagg 660
atggggagtc gctccagatg ttccaggccc tgaaaagacc cgacgacaca gctttccaaa 720
tagtggaaact tcggattttt tctaactggg gccatcctga gtatacctgt ctgtatcggg 780
tcagagttca tggcgaacct gtcaagtga gacactactc attatttttg tacatttttg 840
tatatactgg gacagcgtga aacactggaa tccttcattg acgagggcat atacaatgat 900
gggacagtgc cacactcctt caataaacgt ggctgctggc cagaggacgt gagcgtgtga 960
cgggcgcctt ggcgccacct gttgggtgct cactgcctct gcaggtgcag aggggtcagc1020
agcaggagaa gcgtgttgaa cacgtggctc tcagacactc cttgttttta acgggaagct1080
ctttgcattt gcatttcctc aacaaaggag caaagcagag gaagctgaga gtctggcgtg1140
ttcttgacgc tttggtcttc agccttgcac tggctcttct aaaggacttt tggagggcag1200
ataatttcat ctgttaaate caacacacat ttctttcagg gaaaaacaat gtccacaaat1260
tttcagagtt cttaaactct ttctttcaag ccggaatttt ccttttttca gcaccagtag1320
gtactaagtc tccagatggg gaaataacta aaatgtgttt ttctgctttg ttcgctctta1380
cttctgagga aggtttccag tcaggactcg ctgtaccaat atccatggag gaatatggga1440
gcgtttcgct ctccttgtag gctgaagtea gtctgacttg aaggggcctg gtttggatct1500
aagcaaacac ccagatgggg ttctctggtc tcagcaaggc ttttctgtt gggagtcaca1560
gtaaacagaa acccaaaaat ctcatcttgg gtgttttcag ggcttgttt gagttttgct1620
gaatagggag cgcaagacgc cctgagcctc cctctcactg gtggtgataa gaggagccgt1680
ctggtgtgtc aggttcacga acccgttaca tttcaggacg atcctttttc cttcagcagc1740
atctcttact ggctgtggct ggaatctgcc ttttatcaca gctgtacca ttctcacgtg1800
attcttgtga gactcttttt gggtataatt actatttaatt atttagacta tttactgag1860
cagactttat aaatgagata tctacaaggc acttaaagtg ttacagatgt tttaccttaa1920
gaattattta agttgtgttg ggttaagaca gttttcagtg taccgtaaat gttgtgtttt1980
cagaaaaaga caaaacgatg gtgctgactg gttttctgta tattgcaca cagtcctcaa2040
atacactgat gtatgaaact attcatatc caagcagcat ttttttcaact ctcttagaa2100
ttggaactat gcagttaagg cagataaaat gtacagatgt ttcataatatt acaggttaca2160
tatataaatc aaaatttcct atataaaact gatttgggat ttgggggtgga aatattttga2220
atattaattt atttttaaag atgcaagata ggactttgtg caatgtattt ttgtaaatgc2280
ttttcaaaat atctgtcttt ggtagtgtct ctgctgtctc caccaaattg ataagatgct2340
attaagaggt ttaaataaag agttttaatt tttaaaaggg aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa2400
aaa
```

2403

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 69:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
(A) LÄNGE: 1246 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STrang: einzel



(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 69

```
actaagattt tatgttggag atacttcttt aaataaccta cagcttgggt ctatggcttg 60
tgaccccccag attcatggag gggcttttagc aatcagcttt gtacatcatc atttttctga 120
atgaccaatc ccactaaaca tctttgaagt cggcctagag aggtccttca gatgattcag 180
aaatagctgg cttgtctgag tccagatttc tcatcaactg gcaatacaaa ggaaaaatag 240
gtacaggagt tagttagaaa ggtcttattg attttacttc tacttttcac tacagttaca 300
ggtagaatac ttaggaagt cagtgcagg tgcattgctg attgatagat attgattgtt 360
tttcagcttc tggggtcagt tttgtgggtt ctgctttctt gcctaaatca aagactatct 420
caagtcaaca aactgaaaa ctgctttctg cctccactct tacagctgtg cctaataata 480
attaattaat aaacgcacag ccctatgtga acagacagga atttcttgtg caatgtggag 540
caaatggaat ggtctccttc cgcaagtctt tttaatcctc atatctggag tacaagggtg 600
gacctctggc ttaccacata cactatgcta aagtcacag ccactgctac tacatcttgc 660
cagaaggttt ccctcgccaa caaacagttg aaatttaagg gaagaagcaa aagctaaact 720
gtctttgacc ctaagataga tagaaagcta tttatttgc ttcagtgttc aaggcatgac 780
tagtatttct aattagccta ataaattccc acactttctg aagtgaacac taatgttatt 840
gtcctactaa aactgtcatt gtttcttttt ttttaactgg tcagtcatto acaataagct 900
atgagggtaa ataaatatgt gttataacaa gtaaaccgta gttgcaagaa tataccatga 960
agattaaagt aggtctgggtt tcatttccat ctccacacac atctcattga atttgatggt 1020
tgacttaatt ggcaccataa ctttgtatga tattatacat taacctttat ttatgtaaag 1080
taaaatgcct tatatatata agagtaagt caataatatg aaatagcctg tacattttaal 1140
aaatgttgtc accaagttat ataaatccac atctctgtaa acaacctttt ttaagtaatt 1200
ttaaaaaaaaa taaacactct gcttactact tgaaaaaaaa aaaaaa 1246
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 71:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1950 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 71

```

gggggtcgcg ggcctgattg cgccgtttcc ccgcgcagag ctgcgcggcg ccccgacggg 60
ccccggagca gcggcccccg gccggccccg cctcagcctg gagctccagc taccacatg 120
caccttacct gggttccgcc cggtccctga gtccccacaa aatggctgat ggaggaagcc 180
ccttcctagg tcggaggggac tttgtctacc cttcctcaac ccgagaccct agtgcctcta 240
acggaggggg cagcccagcc aggagggaag agaagaagag aaaggccgcc aggtcaagt 300
ttgacttcca ggcgcagtcc cccaaggagc tgactctgca gaagggtgac attgtctaca 360
tcacaaagga ggtggacaag aactggctgg agggagagca ccacggccgc ctgggcatct 420
tccttgctaa ttatgtggag gtgctgcccg cagatgagat ccctaagccc atcaagcccc 480
cgacctacca ggtgctggag tatggagagg ctgtggccca gtacaccttc aagggggacc 540
tggaggtgga gctgtccttc cgcaaggagg agcacatctg cctgatccgc aaggtgaacg 600
agaactggta cgaggagcgc atcacgggca cggggcgcca aggcatttc cctgccagct 660
acgtgcaggt gtctcgtgaa ccccggtctc ggctctgtga cgacggcccc cagctcccca 720
cgtctccccg cctgaccgct gccgcccgtc cagcccgtga cccagcgcc ccctcagccc 780
tgcgagcccc agctgacccc accgacttgg ggggacagac ctcccccggt cgcattggct 840
tctccttccc caccagagg cctagacccc agaccagaa tcttggcacc cctggctcag 900
ctctgtccca ctctcgaggt cccagccatc cctggacct ggggacctcc tctcctaaca 960
cctctcagat aactggacc ccgtaccggg cgatgtacca gtacaggccc cagaacgaag 1020
acgagctgga gctgcgcgag ggggacaggg tggatgtcat gcagcagtgt gacgatggct 1080
ggtttgtggg tgtctcccgg aggaccaga aattcggaac gttccctgga aattacgttg 1140
ccccggtgtg agtggctctc atggcaactt ggagccagcc aggatggggg ggggagcggg 1200
ggcactcgtg ggaggagag gacccccgcc cacatcctcc ttccccagga cctgagctcc 1260
cagcatctgc agacgacccc cgcagcattt cctcggacc cccctcgaag cccctggac 1320
tgattccccc acacagaggt ctgctttgaa gggagacca tttccaggcc ttattgagac 1440
cactcccaaa atacagaggt ctgctttgaa gggagacca tttccaggcc ttattgagac 1440
cagaccccaa gtccccacc cccatcctgc tccagcgttt cctctaacag ggaccagctc 1500
tccgctttgc cccacagggg ttctctaac cagaaccagc ttcctagcct cgtagagacc 1560
aaaggccgcc cccgcctgct ggggttcttc ccagacccc agcttgcctg ctgcccctct 1620
tgccttctgg cctccagctg ggtgtggggg ggcggacaag gcgggggaca gacgcagcac 1680
cttcttagcg atctaggcct ggcaagagct ctggcccaa ggcctcctct tcccaggggc 1740
tgccaagtcc tggccctggc cctggcatat caccgcgcac tgtggggcca ggcaccacta 1800
gcctggctca aatattcccc agggagactg ctgtgtgctg cccgcctgcc tgctggctct 1860
ccccagccc cacatccctt ctggaagaga atgtaaaata aacctggaca caagggaaag 1920
aaaaaataag attggggggg aggaaaaaaa

```

1950

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 72:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 814 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

- (C) STrang: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

- (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 72

```
cgggggcgag cggggcctgc gcggtagtgg gacccgaccc tgtctccagt gggcgtcttg 60
ggccccggtt ctattctggg ctgcgggcct gggaagggct cgccgggtgc caaatgagct 120
gtcctaactc tgcggggctg cagcttcctg catgatgctg gggagcttgg cgcccgaccc 180
aggatctaga aggcactctg ggcaggccgc gctccgcccc cgaagggtacc caaccctctg 240
ggatagatgc aggaagcgat ggttaagacc cattttcacc caacttctcg ccgcagtctg 300
gcttaccaca cgctcctccc cattcccagt gagccgcttt ttgcagcacc aggcgaacac 360
ttacaccagt gctttgtaaa ggaatcttat tgtccacccc gtgtcttggc aaaagaacag 420
tgatcacaca gattcctact tgggctcttt cctttaatct tcggaggctg agtttgccca 480
actcagggtt aaccaccaag gactctgaga gctggcaggc ctgagtaacc ctggttaacaa 540
ttctcttcac cttatcaaaa cctgagctaa aaccaatgca tcagctgatg atgacagcag 600
agagtggcag ggctgaggac ccaaagtcac ttcccaggct ggcgaggagt aaactgccag 660
ggagaagaat gagaagacag gagacaaact gtttggaagc ctaaactctc cctcttaatg 720
aataaagggt tttgccttgt cttaaaaaat aacaggaaga agcagggaaa aataaataac 780
ttatggtaat ctggaattgt attttgtaat atta 814
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 74:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
(A) LÄNGE: 747 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STrang: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

- (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 74

```

tgggcacgcc cggcccgtac cccggcccgc tgtcgccgcc gcccgaggcc ccgcgcgtgg 60
agagcgccga gccgctgggg cccgcggccg atctgtgggc cgacgtggac ctccaccagt 120
tcgaccagta cctcaactgc agccggactc ggcccgcgc ccccgggctc ccgtaccacg 180
tggcactggc caaactgggc ccgcgcgcca tgtcctgccc agaggagagc agcctgatct 240
ccgcgctgtc ggacgccagc agcgcggtct attacagcgc gtgcattctc ggctaggccg 300
ccggcgccgc ccgggtccct gcagcgcttc ctcccgagc ccccgcgacc gatccgaccg 360
cgtcgctgcc gctctgctct ctcatagcgc tgtatgtttg gttccatgtc acagccccct 420
aggagccagt gatgctcggc cttgcgccc ttccacctcc caggccaccc ttctgggct 480
tctgggccac ctgccctcgg ggggccccctg cgagggtgcc tggagtcccc acgtgtcccg 540
gggtttttcc aggaagcccg agcccaggac ctgttggcag agttgccagg gttacatttt 600
tgaagcacct gtccttttc ttgcagtgt tttctacaa ccagattgt ttaatatatt 660
ttactttgcc cttttaaaaa atatacctaa tacaatatat ttaattttta attaaactct 720
taaacttttc ttccaagaga aaggagc

```

747

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 76:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2419 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 76

```

cttttgccac ccagtaccgg atagtggacc tgcgtggtgga agccgcgggg cccggccagg 60
gatcgtcgca tggaaattct ggtggagcct gtccccaagg aagggttccg ggtacctcag 120
gccgagtggg gcagggcagt tctgctttat tcagcccctg catgagcgga tgctaaggcc 180
gggtggtctc ctggcctcgg gctgaggcct cttcccggct gtctgcccct ggctgcgct 240
ggacctgcta agtggcccac agtggcagcg aggtcccggc cccggggctg ggggtgggaga 300

```

```

ccccgggctg aqtgctgtgg ctttctgggtg gggggcgatg gaaacaggaa accaagcagt 360
gggatcgag cgttggtcac tgcgaggcga gtggcgggct ttctgtttct gccttggtccc 420
tccccacggt acctggttcc caggtgaaaa tgaaaggagg ggagaagtgt agaacagaac 480
attccataaa ggatatttcc taataggctg caagatgctg atgccgagaa tgatgatttt 540
ctttcctgca gatgaaacta ttagaaaggg tcttagattg tggcaggtag gctttggagg 600
aggcgccgag acattttctga gcatgaggac gagctacagc agctcctggg gtggggctgc 660
ctgcgggatg gcgggagagg atgccctgga gaaccgtcct cccagtgtgg aaggcccttt 720
tccttgagga gtgggcatte tgggcccagc ggcgctggct tcgtgcctcc acgtgggcca 780
gccccagctg ctccgtgttt cctggcgttg gcaatttact gtgctgtgta gtgtgaggtc 840
atctccggag cgttttcagc agcccctggc tctgcgcgct ctcttccggg ctgtgggcat 900
gcagggaaat ggctgtgagg cagtctgcgc tgtggccctg cctctgcccc gcgagaggcc 960
gtgggctctg gacaagccgc ccttcaggct ggggtagcag gtcagtccag gcaggaagca 1020
gcacctgccc ccgcgcgcag cccagcccca gcctgagtgc aggagtgcga ggaccgcgg 1080
gggcttttcc agctactctg ttccttcacg tctcccttc tcagcctcgt ccaagcaccg 1140
ggaagacctc caggtgacc ccttgagcac cagtgcagac aggtgcgtgg gggcgtgagg 1200
gaggcagggt cttcaccaca ggcccttcc ctgctcttcc tctctgccc 1260
aggccgctgc agctgcacag cctctgctac acctgggctg cctgggaggc ttcctgggtg 1320
ggtgtctgga cccacggcc ttgggtcatc ctgtggctgg tctggggtgg ggtctgtgtg 1380
ggtccttcca cgggtgtcagt ggctgaagt cctcgcctt tggggggggg gtctctcac 1440
cccaggccac atagggccag tggtaggggt tccctctatg tcgggcagtg ctgagggtgt 1500
ggatgctctg tgaccccagc tggagcccac acctaaaggc tggcatccac atcatctcac 1560
cctgcagtga gggaagaggc caccagggtg cagcacagcc acaccgttc ccacgtcaga 1620
ggagggcaag gctgggtact cagcagccac tctgagccgg ggctccttcc aggagtgaal 1680
atccacctgt ctccatcttc cttgcctgcc tgggtactca tgccaagcag agactgggat 1740
taggggttct gtgctcttgc ctaattagga acattctccc atgtctcttg tgtggtccca 1800
gaaggagaag tgagtttgcc aaggatatgg ggcaggaggc tccctctgct gacccctgcl 1860
agcctggagc cagcccgggg actgtcctgg gtggagggca ggtgaacaca agctgtgcc 1920
ggggactgtc ctgggtggac ggcagggtgaa cacaagcggc tgccgcatgt agccactcac 1980
tcgacttttt ttcagctgtg accattcctg ggagctcttt gagcctttct gtctcatttg 2040
gaaccagggg gaaccaggaa ggggctcctg gcctctctgt gtctctgca gtgggggttg 2100
tggggggccc agatccacgc cttgctgccc ttctttcatg aagtctgttt ttttaagtgt 2160
ggttcccccg aatattttat gcagaggagg gaaaatttat agtggcaatt attttctcac 2220
agtctggtga gcaggcaatt aattaggagt aagggggcct agtagagcgt gccgtgtggc 2280
agaatcgcac cggcccggt cccagccca ccgccatgca gggctcgcgt gcgggaaac 2340
taatatgccg gcgtttaagc ctgtgccct ctgctgggtg taactgcgt gaaataaatg 2400
atctgacaat gtgaaaaaa

```

2419

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 77:

- (A) LÄNGE: 366 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 77

IASARLEEV T GKLQVARNLI MRGTEMCPKS EDVWLEAARL QPGDTAKAVV AQAVRHLPQS 60  
VRIYIRAAEL ETDIRAKKRV LRKALEHVPN SVRLWKAAVE LEEPEDARIM LSRAVECCPT 120  
SVELWLALAR LETYENARKV LNKARENIP T DRHIWITA AK LEEANGNTQM VEKIIDRAIT 180  
SLRANGVEIN REQWIQDAEE CDRAGSVATC QAVMRVIGI GIEEEDRKHT WMEDADSCVA 240  
HNALECARAI YAYALQVFP S KKS VWLRAAY FEKNHGTRES LEALLQRAVA HCPKAEVLWL 300  
MGA KSKWLAG DVPAARSILA LAFQANPNSE EIWLAAVKLE SENDEYERAR RLLAKARTVP 360  
PPPGCS 366

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 78:

- (A) LÄNGE: 62 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 78

MRTSKFILFI FSDVGNGLGF KRELEEGMFD SHRRFLQQMP LLAISHFFPQ ILPTEAQFT 60  
VS 62

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 79:

- (A) LÄNGE: 39 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 79

RPRLYKAKRK TTNGVVLCCI ALHKIRNRCL TIEFVFCEF

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 80:

- (A) LÄNGE: 25 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 80

KTPSLQSKTK NNKWSCAMLY CFAQN

25

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 81 :

- (A) LÄNGE: 29 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 81

DPVSTKQNEK QQMELCYVVL LCTKLGTGV

29

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 82:

- (A) LÄNGE: 32 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 82

PKRRVSDTSS GPTPCMEPIL GRTHYSQLRK KS

32

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 83:

(A) LÄNGE: 54 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 83

LGQDSHQHIT HVLLGREKQY IPVERSQSIG GRNVVKGGRG YAAAPSVPEV AVIP

54

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 84:

(A) LÄNGE: 54 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 84

GDQAHREQGK EQAMFDKKVQ LQRMVDQRSV ISDEKKVALL YLDNEEEEND GHWF

54



## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 85:

- (A) LÄNGE: 116 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 85

GTRHPLSLSH KPAKKIDVAR VTFDLYKLNQ QDFIGCLNVK ATFYDTYSLQ YDLHCCGAKR 60  
IMKEAFRWAL FSMQATGHVL LGTSCYLQQL LDATEEGQPP KGKASSLIPT CLKILQ 116

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 87:

- (A) LÄNGE: 71 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 87

NRGGVGFGVG WSLPFELLIF MSRLQNSRVG LTMWGGGGSS LFFYFQVHSW GWWGGRRIP L 60  
PKPLVCAELA L 71

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 88:

- (A) LÄNGE: 55 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 88

YRHEPLYPAF PYKIQRENFY TFIPQIKQVL SSYRALARSI CKRNLKFSCR IKLDK

55

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 89:

(A) LÄNGE: 411 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 89

LATHSPQKSH QCAHCEKTFN RKDHLKNHLQ THDPNKMAFG CEECGKKYNT MLGYKRHLAL 60  
HAASSGDLTC GVCALELGST EVLLDHLKAH AEEKPPSGTK EKKHQCDHCE RCFYTRKDVR120  
RHLVVHTGCK DFLCQFCAQR FGRKDHLTRH TKKTHSQELM KESLQTGDLL STFHTISPSF180  
QLKAAALPPF PLGASAQNGL ASSLP AEVHS LTLSPPEQAA QPMQPLPESL ASLHPSVSPG240  
SPPPLPNHK YNTTSTSYSP LASLPLKADT KGFCNISLFE DLPLQEPQSP QKLNPGFDLA300  
KGNAGKVNLP KELPADAVNL TIPASLDLSP LLGFWQLPPP ATQNTFGNST LALGPGESLP360  
HRLSCLGQQQ QEPPLAMGTV SLGQLPLPPI PHVFSAGTGS AILPHFHAF R 411

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 90:

(A) LÄNGE: 314 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 90

KRCQRKQPLR GIGILKQAID KMQMNTNQLT SIHADLCQLC LLAKCFKPAL PYLDVDMMDI 60  
CKENGAYDAK HFLCYYYYGG MIYTGLKNFE RALYFYEQAI TTPAMAVSHI MLESYKKYIL120  
VSLILLGKVQ QLPKYTSQIV GRFIKPLSNA YHELAQVYST NNPSELRLNV NKHSETFTRD180  
NNMGLVKQCL SSLYKKNIQR LTKTFLTLSL QDMASRVQLS GPQEAKEYVL HMIEDGEIFA240  
SINQKDG MVS FHDNPEKYNN PAMLHNIDQE MLKCIELDER LKAMDQEITV NPQFVQKSMG300  
SQEDDSGNKP SSYS 314

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 91:

(A) LÄNGE: 58 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 91

VLQEKIKIKK EKKEKIKFKN CFENVQIKSN ILIIHLHVLL NILIMWMFTL CMILAEYH 58

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 92:

(A) LÄNGE: 201 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 92

MDLSLLWVLL PLVTMAWGQY GDYGYPYQQY HDYSDDGWVN LNRQGFSYQC PQGQVIVAVR 60  
SIFSKKEGSD RQWNYACMPT PQSLGEPTEC WEEINRAGM EWYQTCSNNG LVAGFQSRFY120  
ESVLDREWQF YCCRYSKRCP YSCWLTTEYP GHYGEEMDMI SYNDDYYIRG ATTTFSAYER180  
DRQWKFIMCR MTEYDCEFAN V 201

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 93:

- (A) LÄNGE: 247 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 93

MGNGLSEERG NNFNHISPIP PVPHPRSVIQ QAEEKLHTPQ KRLMTPWEES NVMQDKDAPS 60  
PKPRLSPRET IFGKSEHQNS SPTCQEDEED VRYNIVHSLP PDINDTEPVT MIFMGYQQAE120  
DSEEDKKFLT GYDGIHAEL VVIDDEEEED EGEAEKPSYH PIAPHSQVYQ PAKPTPLPRK180  
RSEASPHENT NHKSPHKNSI SLKEQEEESLG SPVHHSPFDA QTTGDGTEDP SLTALRMRMA240  
KLGKKVI 247

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 95:

- (A) LÄNGE: 188 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 95

MPVLREYLMS GGICPVSRDT IDYLLSKNGS GNAIIIVVGG AAESLSSMPG KNAVTLNRNK 60  
GFVKLALRHG ADLVPIYSFG ENEVYKQVIF EEGSWGRWVQ KKFQKYIGFA PCIFHGRGLF120  
SSDTWGLVPY SKPITTVVGE PITIPKLEHP TQQDIDLYET MYMEALVKLF DKHKTKFGLP180  
ETEVLEVN 188

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 96:

- (A) LÄNGE: 290 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 96

RGAGTQPGPL LKKPYQPRIK ISKTSVDGDP HFVVDFFLSR LTVCFNIDGQ PGDILRLVSD 60  
HRDSGVTVNG ELIGAPAPPN GHKKQRTYLR TITILINKPE RSYLEITPSR VILDGGDRLV120  
LPCNQSVVVG SWGLEVSUSA NANVTVTIQG SIAFVILIHL YKKPAPFQRH HLGFIYIANSE180  
GLSSNCHGLL GQFLNQDARL TEDPAGPSQN LTHPLLLQVG EGPEAVLTVK GHQVPVWVKQ240  
RKIYNGEEQI DCWFARNNA KLIDGEYKDY LASHPFDTGM TLGQGMSREL 290

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 97:

- (A) LÄNGE: 66 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 97

NQFTSCILFC DGGHWRELLF QSIMSSHWTL KILLVPLFYI SLEFPSPGFVL CLANDLGYHF 60  
SSRVRS 66

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 98:

- (A) LÄNGE: 54 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 98

VP GALPLAVG PPPPPSGFPR NVQPRRPSQS LGRVMSAGPD KRPLGTLCCF VSFL 54

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 99:

- (A) LÄNGE: 59 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 99

FFLYFNQVFY WSGNCKIYKF LKGISCLKAS IALYPRSLIQ TNTQNTKS 59

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 100:

- (A) LÄNGE: 98 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 100

MGNKEPGSHG HRSADAPSRF SPVLPPAVQL GVVREEGRGG SCPFSWGRGP VSSTWLFPGK 60  
SKREGLGEKT MERGPAKENR EEVSGGLISLL SRCSGSLI 98

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 101:

(A) LÄNGE: 117 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 101

MKGGLGEDGQ QRARESWTSQ RRRPQQVQSR AATSCPAGCL EGRGQRRVMS LQLGEGPSEL 60  
HVAFSQREQE GRIGRENNGE GTCEGKQGS ERFDQPAITV FWLSYLARRL RDRYITS 117

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 102:

(A) LÄNGE: 145 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 102

MNRGPPTFWT FEDRGAKRDR SARGPHAPL GEPLLTWVSL RLHQLVGLQA SPPDSPHCWA 60  
TLNLKFHCPA PPTPTPKFPK EMSKTHAHTY IHTCTCAHTS CVTTGQGNAS LRIPGPGPGV120  
KGCSGTLPPN LLEDPECGR IGCLP 145

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 103:

- (A) LÄNGE: 197 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 103

MRTHVLCYHW PRKRESQDSR AWTWGKGLLW DSAPQPLGGP RVWGQDWVSA LTHRISPGPK 60  
AEKKSGRRSR RQGWWTKVGV RLKSGSETRF DTHHPSVPP GQHAPLEPLH RLIRTRQNLL120  
LTNLLRAVYR GITLVQEGCP SCFHTTTGPT IPLLASLRP RDPQKPGEKE SWPLVSTAFR180  
ATGGDAQMTW VKGLSQT 197

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 104:

- (A) LÄNGE: 152 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 104



SEARNAPSGT AQTFAMGFMT GTISSMYQTK AVIIAMIITA VVSISVTIFC FQTKVDFTSC 60  
TGLFCVLGIV LLVTGIIVTSI VLYFQYVYWL HMLYAALGAI CFTLFLAYDT QLVLGNRKHT120  
ISPEDIYITGA LQIYTDIIYI FTFVLQLMGD RN 152

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 105:

- (A) LÄNGE: 66 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 105

HLLSPPHILG TAFSSTGNGT DGQKTSITFM KGLLELPGKK ACLGELGRCR QCGWAGGQPV 60  
VLLPAQ 66

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 106:

- (A) LÄNGE: 91 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 106

PTSLIWPTTM FCSVHVLFS ILNWLPSFKL NQTLKAWSSH TGPTFPHGNY ERAPAQQGLS 60  
RSLPPPLPVP QIWPLLRKIR TATGPSEPKP T 91

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 107:

- (A) LÄNGE: 41 Aminosäuren

(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 107

LLPSFFLHFS LSIYFPHPPTF LEQPLVLQEM ALMDRRLALP S

41

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 108:

(A) LÄNGE: 471 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 108

NELKASGGEI KIHKMEQKEN VPPGPEVCIT HQEGEKISAN ENSLAVRSTP AEDDSRDSQV 60  
KSEVQQPVHP KPLSPDSRAS SLSESSPPKA MKKFQAPARE TCVECQKTVY PMERLLANQQ120  
VFHISCFRCS YCNNKLSLGT YASLHGRIYC KPHFNQLFKS KGNVDEGFGH RPHKDLWASK180  
NENEEILERP AQLANARETP HSPGVEDAPI AKGGVLAASM EAKASSQKEK EDKPAETKKL240  
RIAWPPPTTEL GSSGSALEEG IKMSKPKWPP EDEISKPEVP EDVDLDLKKL RRSSSLKERS300  
RPFTVAASFQ STSVKSPKTV SPPIRKGWSM SEQSEESVGG RVAERKQVEN AKASKKNGNV360  
GKTTWQNKES KGETGKRSKE GHSLEMENEN LVENGADSDE DDNSFLKQQS PQEPKSLNWS420  
SFVDNTFAEE FTTQNQKSQD VELWEGEVVK ELSVEEQIKR NRYYDEDEDE E 471

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:112 :

(A) LÄNGE: 94 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 112

RKMLRAALPA LPIPRCKYTL FLIAHMGPPY LLALVLMKLS WPWERCLPGR HSCLVQAKPL 60  
CNASPFWCYE VPLCRRFHQQ LTVVPSTRTC FEIS 94

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 113:

(A) LÄNGE: 324 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 113

GLSTFQNWLP STPATSWGGL TSSRTDNGG EQTALSPQEA PFSGISTPPD VLSVGPEPAW 60  
EAAATTKGLA TDVATFTQGA APGREDTGLL TTTHGPPEAP RLAMLQNELE GLGDIFHPMN120  
AEEQAQLAAS QPGPKVLSAE QGSYFVRLGD LGPSFRQRAF EHAVSHLQHG QFQARDTLAQ180  
LQDCFRLEIK AQQAPEGQPR LDQSGASAE DAAVQEERDA GVLSRVCGLL RQLHTAYSGL240  
VSSLQGLPAE LQQPVGRARH SLCELYGIVA SAGSVEELPA ERLVQSREGV HQAWQGLEQL300  
LEGLQHNPPPL SWLVGPFALP AGGQ 324

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 114:

(A) LÄNGE: 148 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 114

IAMTPPNATE ASKPQGTVC PPCDNEKSE AIIEHLCASE FALRMKIKEV KKENGDKKIV 60  
PKKKKPLKLG PIKKKDLKKL VLYLKNGADC PCHQLDNLSH HFLIMGRKVK SQYLLTAHK120  
WDKKNKEFKN FMKKMKNHEC PTFQSVFK 148

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 115:

(A) LÄNGE: 45 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 115

PVIYSVLIRS EIRYKISRPV TTDFIKSESL ILACLYLISE RMSTL

45

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 116:

(A) LÄNGE: 40 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 116

PDCESFMYFN LDSVFLRVLS MKLADSRQDS FFHHGWLISP

40

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:117:

- (A) LÄNGE: 27 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 117

TNEHTLTSYL QLPFSFNRIV KASCILI

27

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 119:

- (A) LÄNGE: 135 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 119

RSNAVQLTRM EYAMKSLSL YPKSLSRHVS VRTSVVTQQL LSEPSPKAPR ARPCRVSTAD 60  
RSVRKGIMAY SLEDLLKVR DTLMLADKPF FLVLEEDGTT VETEYFQAL AGDTVFMVLQ120  
KGQKWQPPSE QGTRH 135

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:122:

- (A) LÄNGE: 193 Aminosäuren

- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:
  - (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 122

EACAHTLSCP ALARLGRARR RPWMSHRTSS TFRAERSFHS SSSSSSAATS SSASRALPAQ 60  
DPPMEKALSM FSDDFGSFMR PHSEPLAFPA RPPGAGNIKT LGDAYEFAVD VRDFSPEDII120  
VTTSNNHIEV RAEKLAADGT VMNTFAHKCQ LPEDVDPTSV TSALREDGSL TIRARRHPHT180  
EHVQQTFRTE IKI 193

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 124:

- (A) LÄNGE: 38 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:
  - (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 124

MATFYPLFPN GGGTYPEVVN DFPLKLLYFT NLNYFVLM

38

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 125:

- (A) LÄNGE: 65 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 125

MWLFHDAGIR SAGGLSLLSC GSWPLPSGYH RLQDTNGQQK NVTLLILSSS SIGTKLPSRP 60  
REILC 65

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 126:

(A) LÄNGE: 250 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 126

ETRVKTSLEL LRTQLEPTGT VGNTIMTSQP VPNETIIVLP SNVINFSQAE KPEPTNQGGD 60  
SLKKHLHAEI KVIQTIQILC GMMVLSLGII LASASFSPNF TQVTSTLLNS AYPFIGPFFF120  
IISGSLSIAT EKRLTKLLVH SSLVGSILSA LSALVGFIIL SVKQATLNPA SLQCELDKNN180  
IPTRSYVSYF YHDSLYTTDC YTAKASLAGT LSLMLICTLL EFCLAVLTAV LRWKQAYSDF240  
PGSVVLAGEFT 250

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 128:

(A) LÄNGE: 61 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 128

MHTCQIYIYS TNVTFLFFVL DVRACSYVRY LHKLLHYFFL CNTFLFVYVV QIYSFLKLLK 60  
K 61

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:129:

- (A) LÄNGE: 211 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 129

PASNRPKSGR APEPREPARR SAGGSPPPPP WPRVPAAAAG TEGASPD LAP LRPAAPGQTP 60  
LRKEVLKSKM GKSEKIALPH GQLVHGIHLY EQPKINRQKS KYNLPLTKIT SAKRNENNFW120  
QDSVSSDRIQ KQEKKPFKNT ENIKNSHLKK SAFLTEVSQK ENYAGAKFSD PPSPSVLPKP180  
PSHWMGSTVE NSNQNRELMA VHLKTLLKVQ T 211

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 131:

- (A) LÄNGE: 48 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 131

MILTNPLKSK TDTFINRSIC KQSQYALGRL TIFLTCQGV L PSQQTPLI

48

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 132:



- (A) LÄNGE: 78 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 132

LGIFLHQYVI FNQNVKFLN SLPAIVIVPS WPTWFDPVVN NINASAVGPL LRCLRRNFVL 60  
AISINFVFYL QFGRRKVT 78

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 133:

- (A) LÄNGE: 72 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 133

MDMAKTKFLR RHL SKGPTAD ALMLFTTSGN QVGH DGTITM AGNEFNKNFT FWLKITYWCK 60  
KIPNQIKSYC FD 72

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 135:

- (A) LÄNGE: 87 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 135

LNVFSSLQIS ELIFPPLPMW HPLPRKKPGM YRGNGHQNH Y PPPVPFGYPN QGRKNKPYRP 60  
IPVTWVPPPG MHCDRNHWIN PHMLAPH 87

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 137:

(A) LÄNGE: 83 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 137

MYGNILCPTL HTPCTQILYC MNYALSRIQC QGELGEINYF NFFFILYKAM DFIWLMCALY 60  
TSHFNRMELL IIFQRVIDMQ KFQ 83

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 138:

(A) LÄNGE: 366 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 138

RPKPGHPLYS KYMRGDVLVM LKQTENNYLE CQKGEDTGRV HLSQMKIITP LDEHLRSRPN 60  
DPASHAQKPV D SGAPHAVVLH DFPAEQVDDL NLTSGEIVYL LEKIDTDWYR GNCRNQIGIF120  
PANYVKVIID IPEGNGKRE CVSSHCVKGS RCVARFEYIG EQKDELSFSE GEIILKEYV180  
NEEWARGEVR GRTGIFPLNF VEPVEDYPTS GANVLSTKVP LKTKKEDSGS NSQVNSLP AE240  
WCEALHSFTA ETSDDL SFKR GDRIQILERL DSDWCRGRLQ DREGIFPAVF VRPCPAEAKS300  
MLAIVPKGRK AKALYDFRGE NEDELSFKAG DIITELESVD DDWMSGELMG KSGIFPKNYI360  
QFLQIS 366

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 139:

- (A) LÄNGE: 68 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 139

MNPYISIIIV IVFLCSENYP WNNMLRITGS SPYLHFLSVL GVLVNSYVLI LFNSEFLTQH 60  
FRERIQAG 68

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:140:

- (A) LÄNGE: 28 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 140

FFFFFFLLLK FFFNKDKGFN NFCATILN

28

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 141:

- (A) LÄNGE: 22 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 141

EGTTRKKDKY ILSLENASRQ KY

22

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:142:

- (A) LÄNGE: 46 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 142

MPFLRKFDRL VRTSDHQISL KWVSWNFIFD NIYTIPNSFA VLRFVG

46

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 143:

- (A) LÄNGE: 56 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 143

MEGWGMSSIN PYGMHSQWPS HLGLEPLVQG LGENRPHGNS HTVIAFNTEP RVPKQQ 56

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:144:

(A) LÄNGE: 56 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 144

MNISTQGRAK GVPRILLAKG QVLIEGLELS RFMEAACITLG ACPDSSLGFP FYLSSF 56

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 145:

(A) LÄNGE: 109 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 145

MPKGKAFRRT LRITSLFFSS LLLQLLFGH HLLVLVSPQL PGAVFEGEAF SVPPPQALPM 60  
MAPSHHPSPA PLPASPPPPA PPPWRRRGI PLAFGLPRSR RLPQLPQPR 109

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 146:

- (A) LÄNGE: 247 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 146

RPAPAPRCQL PQRPAEARCM LSRCSRLLH VLGLSFLLQT RRPILLCSPR LMKPLVVFVL 60  
GGPGAGKGTQ CARIVEKYGY THLSAGELLR DERKNPDSQY GELIEKYIKE GKIVPVEITI120  
SLLKREMDQT MAANAQKNKF LIDGFPRNQD NLQGWNKTMD GKADVSFVLF FDCNNEICIE180  
RCLERKSSG RSDDNRESLE KRIQTYLQST KPIIDLYEEM GKVKKIDASK SVDEVFDEVV240  
QIFDKEG 247

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 147:

- (A) LÄNGE: 181 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 147

IPNMAAPLGG MFSGQPPGPP QAPPGPLPGQA SLLQAAPGAP RPSSSTLVDE LESSFEACFA 60  
SLVSQDYVNG TDQEEIRTGV DQCIQKFLDI ARQTECFLLQ KRLQLSVQKP EQVIKEDVSE120  
LRNELQRKDA LVQKHLTKLR HWQQVLEDIN VQHKKPADIP QGSLAYLEQA SANIPAPLP180  
T 181

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 148:

- (A) LÄNGE: 236 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 148

```
MLRDLQLQIL RNVTHHVSVT KQLPTSEAVV SAVSEAGASG ITEAQARAIV NSALKLYSQD 60
KTGMVDFALE SGGGSILSTR CSETYETKTA LMSLFGIPLW YFSQSPRVVI QPDIYPGNCW120
AFKGSQGYLV VRLSMMIHPA AFTLEHIPKT LSPTGNISSA PKDFAVYGLE NEYQEEGQLL180
GQFTYDQDGE SLQMFQALKR PDDTAFQIVE LRIFSNWGHP EYTCLYRFRV HGEPVK 236
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 149:

- (A) LÄNGE: 57 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 149

```
MEWSPSASLF NPHIWSTRVD LWLTYYTMLK SSATATTSCQ KVSLANKQLK FKGRSKS 57
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 150:

- (A) LÄNGE: 52 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 150

MHLALTSYSI LPVTVVKSRS KINKTFLTNS CTIFSFLPV DEKSGLRQAS YF

52

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 151:

(A) LÄNGE: 377 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 151

LRRFPAQSSP APRRAPEQRP PAGPASAWSS SYPHAPYLGS ARSLSPHKMA DGGSPFLGRR 60  
DFVYPSSTRD PSASNGGGSP ARREEKKRKA ARLKFDFAQ SPKELTLQKG DIVYIHKEVD120  
KNWLEGEHHG RLGIFPANYV EVLPADEIPK PIKPPTYQVL EYGEAVAQYT FKGDLEVELS180  
FRKGHEICLI RKVNEWYEG RITGTGRQGI FPASYVQVSR EPRLRLCDDG PQLPTSPRLT240  
AAARSARDPS APSALRSPAD PTDLGGQTSP RRTGFSFPTQ EPRPQTQNLG TPGPALSHSR300  
GPSHPLDLGT SSPNTSQIHW TPYRAMYQYR PQNEDELELR EGDRVDVMQQ CDDGWFGVVS360  
RRTQKFGTFP GNYVAPV 377

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 152:

(A) LÄNGE: 39 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:



(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 152

WDPTLSPVGV LGPGSILGCG PGKGSPGAK

39

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 153:

(A) LÄNGE: 58 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 153

MQEAMVKTHF HPTSRRLAY HTLLPIPSEP LFAAPGEHLH QCFVKESYCP PRVLAKEQ 58

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 154:

(A) LÄNGE: 41 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 154

GGEPGLRGSG TRPCLQWASW APALFWAAGL GRARRVPNEL S

41

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 155:

- (A) LÄNGE: 75 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 155

MMLGSLAPDP GSRRHSGQAA LRPRRYPTLW DRCRKRWLRP IFTQLLAHV LTTRSSPPFV 60  
SRFLQHQANT YTSAL 75

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 156:

- (A) LÄNGE: 50 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 156

GASRACAVVG PDPVSSGRLG PRLYSGLRAW EGLAGCQMSC PNSAGLQLPA 50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 157:

- (A) LÄNGE: 97 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 157

GTPGPYPGGL SPPPEAPPLE SAEPLGPAAD LWADVDLTFE DQYLNCSTRR PDAPGLPYHV 60  
ALAKLGPRAM SCPEESSLI ALSDASSAVY YSACISG 97

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 158:

(A) LÄNGE: 173 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 158

GLFPAVCPWP ALDLLSGPQW QRGPGPGAGV GDPGLSAVAF WWGAMETGNQ AVGSQRWSLR 60  
GEWRAFCFCL VPPHGTWFPG ENERRGEVEN RTFHKGYFLI GCKMLMPRMM IFFPADETIR120  
KGLRLWQVGF GAGAETFLSM RTSYSSSWG AACGMAGEDA LENRPPSVEG PFP 173

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 159:

(A) LÄNGE: 109 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 159

GHLSRVFSSP WLCGVSSGLW ACREVAVRQS ALWPCLCPAR GRGLWTSRPS GWGSRVQAG 60

SSTCPPRQPS PSLSAGAAGP AGAFPATLFL HVLPSQPRPS TGKTSRLTP

109

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 160:

- (A) LÄNGE: 152 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 160

NIRGNQHLKN RLHERRAARR GSAPPTTPTA EDTERPGAPS WFPLVPNETE RLKELPGMVT 60  
AEKKSEWLH AAAACVHLPS TQDSPRQQLV FTCPPTPTVP GLAPGCRGSA EGASCPISLA120  
NSLLLLGPHK RHGRMFLIRQ EHRTNPNSLC LA 152

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 161:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 3096 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 161

GCGGGTGACG	CGACGACGGC	TCGACACTTT	GCTACGGAGT	GCATCGGACG	TCGAAGCCTA	60
GAGTCTCTGC	GTCTTTCCCT	CTTCCGCTGC	CTCATTCCTT	TCCTTCCTAG	CCTTGGTTCGT	120
CGCCGCCACC	ATGAACAAGA	AGAAGAAACC	GTTCCTAGGG	ATGCCCCGCG	CCCTCGGCTA	180
CGTGCCGGGG	CTGGGCCGGG	GCGCCACTGG	CTTCACCACG	CGGTCAGACA	TTGGGCCCCG	240
CCGTGATGCA	AATGACCCTG	TGGATGATCG	CCATGCACCC	CCAGGCAAGA	GAACCGTTGG	300
GGACCAGATG	AAGAAAAATC	AGGCTGCTGA	CGATGACGAC	GAGGATCTAA	ATGACACCAA	360
TTACGATGAG	TTTAATGGCT	ATGCTGGGAG	CCTCTTCTCA	AGTGGACCCT	ACGAGAAAGA	420
TGATGAGGAA	GCAGATGCTA	TCTATGCAGC	CCTGGATAAA	AGGATGGATG	AAAGAAGAAA	480
AGAAAGACGG	GAGCAAAGGG	AGAAAGAAGA	AATAGAGAAA	TATCGTATGG	AACGCCCCAA	540
AATCCAACAG	CAGTTCTCAG	ACCTCAAGAG	GAAGTTGGCA	GAAGTCACAG	AAGAAGAGTG	600
GCTGAGCATC	CCCGAGGTTG	GCGATGCCAG	AAATAAACGT	CAGCGGAACC	CACGCTATGA	660
GAAGCTGACC	CCTGTTCCCTG	ACAGTTTCTT	TGCCAAACAT	TTACAGACCG	GAGAGAACCA	720
TACCTCAGTG	GATCCCCGAC	AAACTCAATT	TGGAGGTCTT	AACACACCCT	ATCCAGGTGG	780
ACTAAACACT	CCATACCCAG	GTGGAATGAC	GCCAGGACTG	ATGACACCTG	GCACAGTGAG	840
CTGGACATGA	GGAAGATTGG	CCAAGCGAGG	AACACTCTGA	TGGACATGAG	GCTGAGCCAG	900
GTGTCTGACT	CCGTGAGTGG	ACAGACCGTC	GTTGACCCCA	AAGGCTACCT	GACGGATTTA	960
AATTCCATGA	TCCCGACACA	CGGAGGAGAC	ATCAATGATA	TCAAGAAGGC	GCGACTGCTC	1020
CTCAAGTCTG	TTCGGGAGAC	GAACCCTCAT	CACCCGCCAG	CCTGGATTGC	ATCAGCCCCG	1080
CTGGAAGAAG	TCACTGGGAA	GCTACAAGTA	GCTCGGAACC	TTATCATGAA	GGGGACGGAG	1140
ATGTGCCCCA	AGAGTGAAGA	TGTCTGGCTG	GAAGCAGCCA	GGTTGCAGCC	TGGGGACACA	1200
GCCAAGGCCG	TGGTAGCCCA	AGCTGTCCGT	CATCTCCAC	AGTCTGTCAG	GATTTACATC	1260
AGAGCCGCAG	AGCTGGAAAC	GGACATTCTG	GCAAAGAAGC	GGGTCTTCG	GAAAGCCCTC	1320
GAGCATGTTC	CAAACTCGGT	TCGCTTGTGG	AAAGCAGCCG	TTGAGCTGGA	AGAACCTGAA	1380
GATGCTAGAA	TCATGCTGAG	CCGAGCTGTG	GAGTGTGCTC	CCACCAGCGT	GGAGCTCTGG	1440
CTTGCTCTGG	CAAGGCTGGA	GACCTATGAA	AATGCCCGCA	AGGTCTTGAA	CAAGGCGCGG	1500
GAGAACATTC	CTACAGACCG	ACATATCTGG	ATCACGGCTG	CTAAGCTGGA	GGAAGCCAAT	1560
GGGAACACGC	AGATGGTGGG	GAAGATCATC	GACCGAGCCA	TCACCTCGCT	GCGGGCCAAC	1620
GGTGTGGAGA	TCAACCGTGA	GCAGTGGATC	CAGGATGCCG	AGGAATGTGA	CAGGGCTGGG	1680
AGTGTGGCCA	CCTGCCAGGC	CGTCATGCGT	GCCGTGATTG	GGATTGGGAT	TGAGGAGGAA	1740
GATCGGAAGC	ATACCTGGAT	GGAGGATGCT	GACAGTTGTG	TAGCCACAA	TGCCCTGGAG	1800
TGTGCACGAG	CCATCTACGC	CTACGCCCTG	CAGGTGTTCC	CCAGCAAGAA	GAGTGTGTGG	1860
CTGCGCGCCG	CGTACTTCGA	GAAGAACCAT	GGCACTCGGG	AGTCCCTGGA	AGCACTCCTG	1920
CAGAGGCTCG	TGGCCCACTG	CCCCAAAGCA	GAGGTGCTGT	GGCTCATGGG	CGCCAAGTCC	1980
AAGTGGCTGG	CAGGGGATGT	GCCTGCAGCA	AGGAGCATCC	TGGCCCTGGC	CTTCCAGGCC	2040
AACCCCAACA	GATGGAGATG	CTGGCTGGCA	GCCGTGAAGC	TGGAGTCCGA	GAATGATGAG	2100
TACGAGCGGG	CCCGGAGGCT	GCTGGCCAAG	GCGCGGACAG	TGCCCCCACC	GCCCGGGTGT	2160
TCATGAAGTC	TGTGAAGCTG	GAGTGGGTGC	AAGACAACAT	CAGGGCAGCC	CAAGATCTGT	2220
GCGAGGAGGC	CCTGCGGCAC	TATGAGGACT	TCCCCAAGCT	GTGGATGATG	AAGGGGCAGA	2280
TCGAGGAGCA	GAAGGAGATG	ATGGAGAAGG	CGCGGGAAGC	CTATAACCAG	GGGTTGAAGA	2340
AGTGTCCCCA	CTCCACACCC	CTGTGGCTTT	TGCTCTCTCG	GCTGGAGGAG	AAGATTGGGC	2400
AGCTTACTCG	AGCACGGGCC	ATTTTGGAAA	AGTCTCGTCT	GAAGAACCCA	AAGAACCCTG	2460
GGCTGTGGTT	GGAGTCCGTG	CGGCTGGAGT	ACCGTGCGGG	GCTGAAGAAC	ATCGCAAATA	2520
CACTCATGGC	CAAGGCGCTG	CAGGAGTGCC	CCAACCTCCG	TATCCTGTGG	TCTGAGGCCA	2580
TCTTCTCTCG	GGCAAGGCCG	CAGAGGAGGA	CCAAGAGCGT	GGATGCCCTG	AAGAAGTGTG	2640
AGCATGACCC	CGATGTGCTC	CTGGCCGTGG	CCAAGCTGTT	TTGGAGTCAG	CGGAAGATCA	2700
CCAAGGCCAG	GGAGTGGTTC	CACCGCACTG	TGAAGATTGA	CTCGGACCTG	GGGGATGCCT	2760
GGGCCTTCTT	CTACAAGTTT	GAGCTGCAGC	ATGGCACTGA	GGAGCAGCAG	GAGGAGGTGA	2820
GGAAGCGCTG	TGAGAGTGCA	GAGCCTCGGC	ATGGGGAGCT	GTGGTGCGCC	GTGTCCAAGG	2880
ACATCGCCAA	CTGGCAGAAG	AAGATCGGGG	ACATCCTTAG	GCTGGTGGCC	GGCCGCATCA	2940
AGAACACCTT	CTGATTGAGC	GGTTGCCATG	GCCGGTCTCC	GTGGGGCAGG	GTTGGGCCGC	3000
ATGTGGAAGG	GCTCTGAGCT	GTGTCTCTCT	TCATTAATAAG	TTTTTATGTC	TCGTGTCAGA	3060
AAAAAAAAGA	AAAGAAAAAA	GGGGGCGCCC	GGGGGC			3096

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 162:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1987 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STrang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 162

```
CTTTGAATTT TAGAATGTCA TGTGTTCTTT TAAAAAATT AGCTCCCAT CCTCCCTCCT 60
CACGCGCTCC CTCCCTCCTT CTCTCTCTCT CTCTCTCACA GACACACACA 120
CACACACACA CACACGCACA CGCAGTCCA CACTCACATT AAATAAAGC TTTATTTGAA 180
GCAAAGCTAG CCAAATTTCT ACGTTACTTT TCCCTTGACT GGATCCCAAG TAGCTTGGAA 240
GTTTTGTGTC CCAGGAGAGT AAATAACTGT GAACAAGAGG CTCTGCCCTT AGGTCTTTGT 300
GGCTGTTTAA GTCACCAACA ATAGAGTCAG GGTAAAGAAT AAAACACTT TCATAGCCTC 360
ATTCATTCAC TTAGAAGTGG TAATAATTTT TCCCTAATGA TACCACTTTT CTTTTCCCCC 420
TGTACCTATG GGACTTCCAG AAAGAAGTTA AATTGAGTAA AATCATCAGA AACTGAATCC 480
ATGTAAGAAA AAATAATTGT TGAAGAAAGA AGTTGATAGA ATTCAAAAAG GCCATCTTTT 540
TGCTTTCACA TCAATAAAAT TTACCAAGTA ATAGATCAGT ACTCACTAAT ATTTTGTAGA 600
CCATAGTTGT CTGGTCAGAA AAATTATATT AAATTAGTAA ATTCTAGAAG CTCTTTAAAA 660
GGGAAGTTTT CTTTCTTCTC CAATTATAGG AGTTGATTTT TACTTTGCAA AGTGGCTCGG 720
TCCTCATGAG CATCTGCATG TTGACTCTTC AGTTAAGAAA ATTGTTGTTC ATTTAGGGAG 780
GTGGATATTC TGATGAAGAT CTTTATCCTA AACCTTCCTA CTATCCTTGT CTTATTCATC 840
AAGCAGATAT TTTAGTCAAG AATTCCAGAG AAGGCTGCTC CTAAAATGTC TACTTGACG 900
CCAATACCAG AGCATAAACT ATCCATTCTG GGGTCTGGCT TTAGAAATCA TCTTTGTGGG 960
AAGACCTAAT TCTTCACAGC AAGGATCTCA GGCATGCCTT CTAGATTTGT TCCCTCTGAG1020
GGGCAGGAAT GAAGTGTAGA AATGTTTTAA GGACCCAGAA ACCCCATATG TCTCATTCCA1080
TGACTATAGG TGAGAGAATT CTTTCCTAAG AGGGTTTGAT ACCAATAGGG GAAAATGTAA1140
AATGTTTCAGT CTTTATGACA ACCTGGCATA AAGGAGTCAA TTCTTATGAA AGAGACACAA1200
GGGCCTTATG GCCAGGGTTT CTTGGGACAA GACTCTCACC AGCACATCAC ACACGTTCTC1260
CTTGGAAGAG AGAAGCAGTA CATCCCGGTT GAGAGGTCAC AAAGCATTAG TGGAAGAAA1320
GTGGTAAAGG GGGGAAGGTG TTATGCGGCT GCTCCCTCCG TCCCAGAGGT GGCAGTGATT1380
CCATAATGTG GAGACTAGTA ACTAGATCCT AAGGCAAAGA GGTGTTTCTC CTTCTGGATG1440
ATTCATCCCA AAGCCTTCCC ACCCAGGTGT TCTCTGAAAG CTTAGCCTTA AGAGAACACG1500
CAGAGAGTTT CCCTAGATAT ACTCCTGCCT CCAGGTGCTG GGACACACCT TTGCAAAATG1560
CTGTGGGAAG CAGGAGCTGG GGAGCTGTGT TAAGTCAAAG TAGAAACCCT CCAGTGTGTTG1620
```

```

GTGTTGTGTA GAGAATAGGA CATAGGGTAA AGAGGCCAAG CTGCCTGTAG TTAGTAGAGA1680
AGAATGGATG TGGTCTTCT TGTGTATTTA TTTGTATCAT AAACACTTGG AACAAACAAAG1740
ACCATAAGCA TCATTTAGCA GTTGTAGCCA TTTTCTAGTT AACTCATGTA AACAAGTAAG1800
AGTAACATAA CAGTATTACC CTTTCACTGT TCTCACAGGA CATGTACCTA ATTATGGTAC1860
TTATTTATGT AGTCACTGTA TTTCTGGATT TTAAATTAA TAAAAAAGTT AATTTTGAAA1920
AATCAAAAAA AAAAAAAAAA AAAGTCGACC GGCAGCGAAT TTAGTAGTAG TAGTAGTAGT1980
AGTAGGC

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 163:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1107 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STrang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 163

```

GGGCCGGGCA GCCCAGCTGA AGGCAATAAG CTGGGCTCAC CGCTGCAGCA GAGTTCTGTG 60
CTAGCCGGGC ATAGGGGCGA GAGAAGGCCC AGAGGCGACG TCAGAGAGAA GCAACTGCGC 120
CCCGGTGAAG AGAAGCTCGC CCATCACC GG CTGGGAGCCA GCTTTCAGTG AAGATGGCAG 180
GGCCAGAACT GTTGCTTGAC TCCAACATCT GCCTCTGGGT GGTCTACCC ATCGTTATCA 240
CTCTTCGTAG ACATGATCCG CCACTACGTG TCCATCCTGC TGGAGAGCGA CAAGAAGCTC 300
ACCCAGGAAC AAGTATCTGA CAGGGGACGA GGCACCCACA GTCCCTCTCC CATAAGCCTG 360
CCAAGAAGAT TGATGTGGCC CGTGTAACGT TTGATCTGTA CAAGCTGAAC CCACAGGACT 420
TCATTGGCTG CCTGAACGTG AAGGCGACTT TTTATGATAC ATACTCCCTT TCCTATGATC 480
TGCCTGCTG TGGGGCCAAG CGCATCATGA AGGAAGCTTT CCGCTGGGCC CTCTTCAGCA 540
TGCAGGCCAC AGGCCACGTA CTGCTTGCCA CCTCCTGTGA CCTGCAGCAG CTCCTCGATG 600
CTACGGAGGA AGGGCAGCCC CCAAGGGGCA AGGCCTCATC CCTTATCCCG ACCTGTCTGA 660
AGATACTGCA GTGAAAGCCC AAGTCCTTGG AAGCTTTCCC CAGTGAAGGA CTGACTGGGG 720
GCCTCACGCT TAACTGGTAG TGCCACAAG CCTGGCAGCT GTAGAGCCGC GAACCTCCCC 780
ACACCTCCCT CACCGCGCAG GACCCTGAGT GAGGAGGAGG AGCTGGAAAC CTGGGGTGGG 840
TTGGCCAAAG GAGAACCTCA AGCTCCTGGC CTGATCCAGC TCCTTCTGTC CCAAGGCAGC 900
TTAGCCCATC CAGACTGGTC CTGAAGTCTG TCCCTCCATT GGCATGAAGT CTGCCCCCTTA 960
GGAATCCGGC CTCGCAGGCT GTACTTTCAT GGTGCTCTCT ACCTTCTGGC CCCCATCCCG1020
GAACATTCTT GAGTGAATTC GCAAGCGCAC TAGCATGTGA TATTAGGGAG TTTGCAATAA1080

```

ATTATTGAGG CTGATGTAAA AAAAAA

1107

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 164:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1062 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 164

GTGAATATGT	GTGTATATGT	GTGTGTATGT	GTGTGTGGGG	TTTGGGGTAG	AAGGGAGGGA	60
GGGGCAGGA	CAGTGTGGAA	TCTCTAGGGT	GTATGGGTAG	GTAGGGGGCA	CAGTTAGTTC	120
TAAGTGGGCT	TTTATGCTAA	AAGCCTCTGG	GGATATCTGT	TTTGAAAATA	AAGATAGGTG	180
TCCCCTCCTT	GCTGTCATCT	AGCCCAGACA	CTCTGCTTGC	TCTCTGGCTG	TCTGCTCCCT	240
GGGAAGGCTT	TAGGAGGACC	ACCCAGGACA	GGATGACCAT	GCTGCCATCT	GCTCTGGAGC	300
TGGGTCTCAG	TGCAGAGGGA	CAGTGAAGCT	GGATGGTTGC	AGTCTCTGGT	GGGAGGTGAG	360
GATAGAAGTG	ATAAAGAGCT	AAGAGGAGCT	TCTGGGAGCC	TTGGAGGAGG	TCAGTCTTGC	420
AGTGGTGAAG	CCAGGACATA	GGAGATGGAG	CAGGGCTGTG	AGAGGAGGAG	ATTCTGAGGA	480
GGATGCAGGG	GAAATCTTGT	CTGTTAATGA	AATAGGGGTG	GGGTGGGGTT	TGGGGTGGGG	540
TGGTCATTGC	CGTTTGAGCT	GCTGATTTTC	ATGAGTCGCC	TTCAAAACTC	TCGTGTAGGG	600
TTGACAATGT	GGGGGGGTGG	GGGATCCAGC	TTATTCTTTT	ATTTTCAAGT	CCATTCTTGG	660
GGCTGGTGGG	GAGGCAGGAG	AATACCCCTC	CCTAAGCCCT	TAGTGTGTGC	CGAGCTTGCT	720
TTGTGATGTT	GGCAGGGGAG	GGGAGACCTG	GGTGGTGACT	GAGTTCCCTT	TATCAAACCC	780
TTCAATGGGC	ACAAAATTGA	GTGCTTGATT	TTAGGTTTTA	TTTTTTTATG	AATGTCCAAA	840
TCTGTGTTTC	CCCCTGCCCT	CCCAGACTGT	GTGGCCAGTT	GAAAGTGTCT	GGTTTGTGTT	900
CATCTCTCCC	TCATTTCTGG	AGCAGGGCCT	GAGACCCTGC	CACATCTCCT	ATGCTCTGCA	960
TCCACGCCCT	TTTTGGACAT	TAAAGGTTGA	TTGATGCAAA	AAAAAATAC	AACGGGGTGG	1020
CTTGGGGAAG	CCTGGGGTTG	GCCGGCTTAT	GGGGTTGCGG	CG		1062

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 165:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:



- (A) LÄNGE: 2770 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STrang: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 165

```
CTACTATGGA TAATTTCAAA GTAGAATCAC TCTATGCTTA GAGTTTTGGC ACCAATGCTG 60
TAGGGCAGCA GAATCTATTC TCAGTAAAT AACTTATGGT TTATTAGATA TTCTGTATTG 120
GATTTTACCA GCTTGACTTT TACTGCTCAG ATGCTTTCTT TCCCCCCTT AGACGCTGTA 180
ATTCTCTTGG GAAGAGTAAC TATTCTTAAG GTTTTACAG ATACCCACCT TAGTTGTAAA 240
TTGGATAGTT TATATTTCTG GGAATTTTAA AATGAAAATG TGGAATGTTA AGTTACAAAA 300
GACTTTTCAT CAGAAAATTT CAAACAAAGT AAACATGGCG TTTTATAGTC CTCTAAAATC 360
TAGGTGCTCC CACCCACCAA AGGCATATCC TGCAAAGGGC TGTGAACAT CTGTTGTAAC 420
TGTCTTGGGT CCCCTTTCCA TGTATGTTTT CTTGTCACTG AAAACAAACA ACGCTGAGTT 480
TATCAAGAAA ATTTAAATTT GGGGATCATA ATAATTCCAA CCAAGTGACA ACTCTGACAT 540
CAAGGTTATT AGGAGCTGTA CATCCAATTC AAGTTTTATT TGCTGCTATT CTGGGAGAAT 600
AAACTTGTAT ATGGAGAATA AACTAATAAA CTGTATCGA GGAAATCCAT AAAGTTATAA 660
ATTAGCCTGA AAAATATTT AGGTAATGGT GTGGATTGGC CTGCTTTGAC TCTCAGCCAC 720
CAACAGAAAT CTTTGTCCAC TTTGTTCCCT AGCTAAAAGT AATTTTGTTA TAAACACAAA 780
GTGACTTTAA ACAGGTAAAA AACCCATTCC TATTTTGTAT CATTACCAAA AGTTTTTCAT 840
ATACCTACAG AGCTAACTAA TTACAACCTGA TTTAATCCAC TCAAGTTTAG ACCAGTTAAA 900
CCCATAGGAT CCTGTATGGT TATCAATGTG ATGCCTTGCT TTTCATAAAA TAGGTATAAT 960
TGGGTCATAC ACTTGACGAG AGGGTGACTG TTTCTAGGGG AAGAAAACCC TTTAGATTGC1020
AGGTAACTTT CACTTTTTTT TTTTAAATA TACACTTTAC ATTTGTATAA ATTATGCAGG1080
GTACTCCTAA CCCTGTAGAA ATGTATGACC TCTCACAAG TTGAGATTTG ATCCAAAGAG1140
AAATGCAAGT ATAAAAGAAT TAGATACCTT ATTATCTTTT AAGGTTTTTT TTTTTTTTTG1200
GTAGAGATGG GGGTCTCACT GTGTTGCCCA GGCTGGTCTC AAATCCTGG CCACAAGTGA1260
TCTTCCTGCC TCAGCCTCCC AAAATGCTGA GATTACAGGC ATGAGCCACT GTACCCAGCC1320
TTTCCTTATA AAATTCAAAG AGAAAATTTT TACACCTTTA TCCCTCAAAT AAAACAAGTG1380
CTCAGTTCTT ACCGTGCCCT TGCAAGGTCT ATATGTAAAA GAAATCTGAA ATTTAGCTGT1440
AGAATAAAC TTGATAAATA AAAAGAAAAA ACATACATTT CTCCAGTTGG TTGCTCTTT1500
GCTTGTTGAA GTAATAAAC GTTTTAAAGA GAAATACTT GCTGTAAACC CCCAGTGCCT1560
TCAACTCTTT TGGCAGAATA TTTTAAAGA AATCCAGCAA GCAAACCTTG AGGTGCTAAT1620
GAAAGTAAAG GAAGGTGGTA TTTCTAGTTT TGGCAGAAAT GAAAAGTGTC TCACAAGAGA1680
CATCACTACC CACGTGGGGT CTGGCTGCTT TCTACCAAAG ACATTTAGAG AAGAAGTGAA1740
TTGAGTCAGG GTGATGGTGA AACTACATA TTTTATAGAT GGTTAAGTTG AGAATTAATT1800
```

```

ATGTTTATCA TGGATGGCTA CTAATACCAA GCTCATGATT GTTGCAGCCT CAACGTCTTA1660
GGCAGTAAAA CTTGTCTGCA GCACTAAAGG GGGAGAAACC CTTATATTTT GCAAAGTGT1920
CATTCGTAA ATTTATTGTA ACCTAATACC AAAAAGTGCC GTTTTTCATA TTATTTCCCC1980
ACCTCCTACT TTTTGTGTTT TTTTGTGCTA CTTGTAAAAT AACCCTTCT AGAAAATAAG2040
CATTAAGTGG AATGTTTCAA ACAATTTTGC TTCATTTTAC TATCAGCCAC TAGTGAAGT2100
TTACAGAGAT GTACATTTAA GATAAAATTA GCTTGTGCTA AGTGTTTTAA AACATTGTT2160
TACTGTTAAA GGGGAATTGC ACATTATATT TAACTGGGAT TGCTCCCTCC CTCAGTTCT2220
TAAAAAACAA GAGTCAAGGC TCACACCAAC TTGTAGGCTG TGGGAGCTTT GCCATAGGT2280
GATACAATGT AGAAGTATAC TTTTAAAG CATGAAGAAG ACAAGGAAG TCATTATAAT2340
GTACCAGGTA GAGGACATTA TTATTCAAAG GATTATGCAC AGCTCAGTGA AGATGAAGT2400
ACAAATTTTC TCGCAGCTTT GTTGCTATTA TTTCTTCTG CATAAATGTA TGCTCATTT2460
ATTATGTGCC TTGCTCCCTG ATTGTGCAAA GCTATATATA TATATATATA TATAGATAG2520
TAGATAGATA GATATATGAG AGAGATATAT TCAGTACTAC TGAGGATGTT TTTCTGAGG2580
TGTTTTGTT CTGCTGGATT AAGTTATTTT CCAAGTTACT CTTGCCAGTT ATGTCAGTAA2640
ACTATTGTAA TGGCTTAGCA CACTAGTCGT ACAGTCAGTG TAAATGTTTT TCATTTACAT2700
GTTTTCATTA TATCAGCTTA TCAAATCCTT AATAAAAAAA ATTCATAGAT TTCATTTAA2760
CAAAAAAAA
2770

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 166:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 4242 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 166

```

GGCCATTGAC CCTAGAGGTG AAACCGAAGC TCTGATGGAC TCTCACAGCT GGAGATGAAA 60
ATACGAGTTA TACACGGAGA ATGCAACCAC TGAGAAAACG GAACCGAATA GTCAAGAGGA 120
CAAGAATGAT GGTGGAAAAT CAAGAAAAGG GAATATAGAA CTTGCCTCAT CAGAACCACA 180
GCATTTTACA ACAACTGTGA CTCGATGCAG CCCGACCGTG GCCTTTGTGG AATTTCCTC 240
CAGCCCCCAG CTGAAGAATG ATGTGTCGGA AGAAAAAGAC CAGAAGAAAC CAGAAAATGA 300
AATGAGTGGA AAGGTGGAGT TGGTGCTGTC ACAAAGGTG GTAAAGCCAA AATCTCCAGA 360
ACCGAAGCA ACGCTGACAT TTCCATTCTT GGACAAAATG CCTGAAGCCA ACCAACTACA 420
TTTGCCAAAT CTCAATTCTC AAGTGGAATC TCCAAGCAGT GAGAAGTCAC CTGTTATGAC 480
ACCTTTTAAG TTCTGGGCAT GGGACCCAGA AGAGGAGCGC AGGCGACAGG AAAAATGGCA 540

```

ACAGGAACAG GAACGTTTGC TCCAGGAGAG ATACCAGAAG GAGCAGGACA AGCTGAAAGA 600  
AGAGTGGGAA AAGGCCCAAA AGGAGGTGGA AGAGGAAGAA CGCAGATACT ATGAGGAGGA 650  
GCGTAAGATA ATTGAAGACA CTGTGGTTCC ATTTACTGTT TCTTCAAGTT CCGCTGACCA 720  
GCTGTCTACC TCTTCCTCCA TGAAGTGAAG CAGTGGGACA ATGAATAAGA TAGACCTGGG 780  
AAACTGTCAA GATGAAAAAC AAGACAGAAG ATGGAAGAAA TCATTCCAGG GAGATGACAG 840  
TGAATTATTG CTGAAGACTA GGGAAAGTGA TCGACTGGAG GAGAAGGGCA GCCTAACTGA 900  
AGGGGCCCTG GCTCATTCTG GGAACCCTGT ATCAAAAGGA GTCCATGAAG ACCATCAGCT 960  
GGATACCGAG GCTGGGGCCC CACACTGTGG AACAAACCCA CAGCTTGCTC AGGATCCATC1020  
CCAGAATCAG CAGACATCAA ATCCAACGCA CAGTTCAGAA GATGTGAAGC CAAAAACCT1080  
CCCGCTGGAT AAAAGCATTG ACCATCAGAT CGAGTCTCCC AGTGAAAGGC GGAAGTCTAT1140  
AAGTGGAAAG AAGCTGTGCT CTTCTGTGG GCTTCCTTTG GGTAAAGGAG CTGCAATGAT1200  
CATCGAGACC CTCAATCTCT ATTTTCACAT CCAGTGTTC AGGTGTGGAA TTTGTAAAGG1260  
CCAGCTTGA GATGCAGTGA GTGGGACGGA TGTTAGGATT CGAAATGGTC TCCTGAACTG1320  
TAATGATTG TACATGCGAT CCAGAAGTGC CGGGCAGCCT ACAACATTGT GACACGGCT1380  
TCAAGCTTCC GGATCACTCA CCATTTCTTT ACTGAGAGTG TCCCCTGGCA ACTGCTTAAC1440  
AAAATCCCAA GCTCAGGGGC TTCTCAGCAT TTACCTAATT TCTGAAAGGC TCTTCTGAAA1500  
GGTGGTATCT GTTCTTTCTG AGCACAGTGT TTATGTTTTT CCTGTTTATT GTTTTGGGT1560  
TTTGTTTTTT TTTTTCATT TGCACAGTAT ACACAAAAGA ATATGGGGTT GTAATGATCC1620  
TGAATAGCTC AAAAAAGGTT TTAGCATGGT CAAACAGGCT TATGGTTTAA AATGTGTTAT1680  
TCTCTCTTTT GGAATTAGC TAAATGATGC AATAAACCTG TTTTGTTTTA GAATGTCTAG1740  
GAATTAACA CTTTATGTTT ACAGAATTGA GCTGCAGAAA GTGCAAGACA TGCCAATTTG1800  
AGACACACGG TCTTCTAAGA CTGAAGGATA AATTTAATGC ATTTTCAGAAA CTAAACATCA1860  
CAGCAAGCTC TATCTCTGAG CTATAATTTG TTTTAAATGC AAAGACACTA GTTTGATAAT1920  
ATATACTGTA ATCCTGAAAC ATTTGTGTTA CTTACCTTTG GAGGTAGAAA TTATACCAAT1980  
AAATTATTGC ACCGTTAGTA TTAGATTCTG TGTACCTTGG AAGTTATGTC ATTAATATAG2040  
GCTGGTTCAT CAAATAAAGC AAAACCTTGC AATATCAGCT AGATTACAC TCCGGGACGT2100  
TGCCCAAAGG TAGGAAGAAA GCAGAGGGAA ATATTTTCAGT CATCATTTCC AAAGTCATTA2160  
TCAAAATCTG TGAGGAAGTT TAATCTTCCA AAGAGTCAAT GTCAGACATC AGGCCTCTGT2220  
TGCCTGCTTC TCTCGAGGCA CTAGATTAGG AGTCTTCAAT AAGAGACTTA ACATGAGGTA2280  
TATGGAAGAT GAGGCACCGA GATAAGTTCA TCATTAGGTG TGAGCACTGC TCACCCTTGC2340  
TGGCAAGTTC TCCTTAAGGG CCTGAAGCAC AGGTGTCCAA AGAAAAGCGT TAAGTCCATC2400  
TTAATAGAAT CTATGTGGTA TATGATGTGG TCAGCCCCTG GTCTGTGATC AGCAAGAACC2460  
TACAGCACAG ATTATGCCCT GCCCACTTCA ATGAATACCT ACTCTCCTCC ATTCTCCATC2520  
ACTTTTTTTC CTATCAAGAA CTCCGGACCT TGCCCATGGA GAAGTTTAGA GAGGAACCT2580  
TGTGGAGAGC TGGTTTATTT TGTGCCCTGT GCGACGAGT TCAGCTGGCC AAGAAAGGAG2640  
TCAAGTTATT AAAAAGCATC ACAATGTAGA TCTCCAGGCT GGTTTTTTGT TTTTGTGT2700  
TAAGACTGGG GAAAGGGGGA CTATTTATTC TGCCTTAAAT CAATGGCAAA TAAGTCAAGA2760  
TGACATTTTG TGAATGTAGA CTATGGATAC ACTCCTAATA GATTGATGTA GTCATAAAAG2820  
GGGGTCAAGT AGATGTTTTT CTGTTATGTA AGCAATAATT TTTCCGTGTC TTATTGAGTA2880  
TGGCTAGCGA TTATTTATTA CATGCTAGAT GGGTCTTTG CATGTGGGTT CCATATAGGT2940  
GCAGAAATTT CCTCAGCCAC TGGAGGGATT TCGACCATAT TTGTCATTTG GATGAGCTGT3000  
TATTAGATTG AAATCTACAC ATCATTTTCAT TAAAAATTGT GCCTTAGAAA ACGCAAAGCT3060  
GTTGCACATG GCGATAAATT ATGGATGCAG TACATTGAAG AGAGATGAAG TCACTTCCAA3120  
GTTTCCAAGA CTTCTCATGG AGGTGTTTGC TGTTTACAG GAAAAAATAA AAATAAAAAA3180  
AGAAAAAATA GAGAAAAAAT TAAATTCAAA AATGTTTTG AAAATGTACA GATCAAGTCC3240  
AATATTTTGA TTATCCACCT GCATGTTTTA TTAAATATTT TGATAATGTG GATGTTTACA3300  
CTTTGCATGA TATTAGCAGA GTACCACTAG TAATGCACAA ACATGTACAA TATGGTCATT3360  
CATAACCGAT TTTTATAGAA TACTTTTTTAC ATGTGCAACT CCATCCGTTA TGTAAGGATT3420  
ACATGAATAT TGCACATTCC CTTCTGGTTT CACAAACCCA TTTATACATA TTTCTTAGTG3480  
AGGCTCATTG TACATGTATT GAAGCTAGAA TCGAGTCAAG AAAAATAAAG CCCCATTCTC3540  
CAACTGCAAA ATGTGCTTTC CCATAATGAA CACTAGTCAC CAGCACAGAA TAATCTCAA3600  
CATTTTCTAA ATTCTAATTG CCAACTGTTT CTATTTATAT TTGATTTATA TTTTATTGG3660  
AGTCTGTTAC ATGGCAGCTT AGGCAGACTA GATCTTGTTC TTTCCAATGC AGCATAATGA3720  
GTATGATCTA TTTCTTTTCA AATAATCTTT GAGATCCCAG GAAAAAATAA ATGCTCTGCT3780  
CCATTGAGCT ATAATGTAAA TGTGTTTGT TAAAAACAG GTGAGGCAAG TGAGTGATT3840  
ATTGTTCTCG AGGAAGTATA TCTGATTTT TTTCTCATAC TCCAAAAGCT AGTCCCTACT3900  
CTTTAATAAAA AATAATGGGT AACTTTTTGT TTTTCACTAG CGAACTTCCA TGACATTTCC3960

```

TTTCTATGTA GTGTGATTAA TGCAATACAT ATTATAGTTA TCTATACACA GTGTAAGATT4020
TAACAAACTG AAATGATCCA CCTCATATGT GAGTCCGTCC AAAAGATGTT ACTGCTCTGG4080
GTGGGCCAGT GTTCTATATC SGTATACTA ACTTTCATTT AAAGTATTTA TTCTAAAATG4140
CCTCTGAGAA ACAGTAAAAA ATAAAAACAA CAAGTTGTCT AAAATGCAAC AGCTTTTATA4200
GTAAATGTAC ATTTATAAAT AAAATACTCA AATCAAAAAA AA

```

4242

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 167:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2640 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

## (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

## (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

## (iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 167

```

CTAGCAAGCA GGTAAACGAG CTTTGTACAA ACACACACAG ACCAACACAT CCGGGGATGG 60
CTGTGTGTTG CTAGAGCAGA GGCTGATTAA AACTCAGTG TGTTGGCTCT CTGTGCCACT 120
CCTGGAAAAT AATGAATTGG GTAAGGAACA GTTAATAAGA AAATGTGCCT TGCTAACTGT 180
GCACATTACA ACAAAGAGCT GGCAGCTCCT GAAGGAAAAG GGCTTGTGCC GCTGCCGTTC 240
AAACTTGTC A TCAACTCAT GCCAGCAGCC TCAGCGTCTG CCTCCCCAGC ACACCCCTCAT 300
TACATGTGTC TGTCTGGCCT GATCTGTGCA TCTGCTCGGA GACGCTCCTG ACAAGTCGGG 360
AATTCTCTA TTTCTCCACT GGTGCAAAGA GCGGATTTCT CCCTGCTTCT CTTCTGTCAC 420
CCCCGTCCT CTCCCCCAGG AGGCTCCTTG ATTTATGGTA GCTTTGGACT TGCTTCCCCG 480
TCTGACTGTC CTTGACTTCT AGAATGGAAG AAGCTGAGCT GGTGAAGGGA AGACTCCAGG 540
CCATCACAGA TAAAAGAAAA ATACAGGAAG AAATCTCACA GAAGCGTCTG AAAATAGAGG 600
AAGACAAACT AAAGCACCAG CATTTGAAGA AAAAGGCCTT GAGGGAGAAA TGGCTTCTAG 660
ATGGAATCAG CAGCGGAAAA GAACAGGAAG AGATGAAGAA GCAAAATCAA CAAGACCAGC 720
ACCAGATCCA GGTTCTAGAA CAAAGTATCC TCAGGCTTGA GAAAGAGATC CAAGATCTTG 780
AAAAAGCTGA ACTGCAAATC TCAACGAAGG AAGAGGCCAT TTTAAAGAAA CTAAAGTCAA 840
TTGAGCGGAC AACAGAAGAC ATTATAAGAT CTGTGAAAGT GGAAAGAGAA GAAAGAGCAG 900
AAGAGTCAAT TGAGGACATC TATGCTAATA TCCCTGACCT TCCAAAGTCC TACATACCTT 960
CTAGGTTAAG GAAGGAGATA AATGAAGAAA AAGAAGATGA TGAACAAAAT AGGAAAGCTT1020
TATATGCCAT GGAAATTAAA GTTGAAAAAG ACTTGAAGAC TGGAGAAAGT ACAGTTCTGT1080
CTTCCAATAC CTCTGGCCAT CAGATGACTT TAAAAGGTAC AGGAGTAAAA GTTTAAGATG1140
ATGGGCAAAA GTCCAGTGTA TTCAGTAAAG TGCTAATCAC AAGTTGGAGG TCAATGGCAC1200
CGATGGCCTG GCACCAAGTG AAGTAGAGGA ACTTCTAAGA CAAGCCTCAG AGAGAAACTC1260

```

```

TAAATCCCCA ACAGAGTATC ATGAGCCTGT ATATGCCAAT CCCTTTTACA GGCCTACAA31320
CCCACAGAGA GAAACGGTGA CCCCTGGACC AAACCTTTCAA GAAAGGATAA AGATTAAC1380
TAATGGACTG GGTATTGGTG TAAATGAATC CATAACAAT ATGGGCAATG GTCTTTCAGA1440
GGAAAGGGGA AACAACTTCA ATCACATCAG TCCCATTCCG CCAGTGCCTC ATCCCCGATC1500
AGTGATTCAA CAAGCAGAAG AGAAGCTTCA CACCCCGCAA AAAAGGCTAA TGAATCCTT31560
GGAAGAATCG AATGTCATGC AGGACAAAGA TGCACCTCT CCAAAGCCAA GGCTGAGCC31620
CAGAGAGACA ATATTTGGGA AATCTGAACA CCAGAATTCT TCACCCACTT GTCAGGAGGA1680
CGAGGAAGAT GTCAGATATA ATATCGTTCA TTCCCTGCCT CCAGACATAA ATGATACAGA1740
ACCGGTGACA ATGATTTTCA TGGGGTATCA GCAGGCAGAA GACAGTGAAG AAGATAAGAA1800
GTTTCTGACA GGATATGATG GGATCATCCA TGCTGAGCTG GTTGTGATTG ATGATGAGGA1860
GGAGGAGGAT GAAGGAGAAG CAGAGAAACC GTCCTACCAC CCCATAGCTC CCCATAGTCA1920
GGTGTACCAG CCAGCCAAAC CAACACCACT TCCTAGAAAA AGATCAGAAG CTAGTCCTCA1980
TGAAAACACA AATCATAAAT CCCCCACAA AAATTCCATA TCTCTGAAAG AGCAAGAAGA2040
AAGCTTAGGC AGCCCTGTCC ACCATTCCCC ATTTGATGCT CAGACAACTG GAGATGGGAC2100
TGAGGATCCA TCCTTAACAG CTTTAAGGAT GAGAATGGCA AAGCTGGGAA AAAAGGTGAT2160
CTAAGAGTTG TACCACCTAT ATAAACATCC TTTGAAGAAG AAACCTAAGAA GCATTTGCAA2220
ATTTCTCTTC TGGATATTTT GTTTATTTT TCTGAAGTCC AAAAAATTAT CATTACAGTG2280
TACCATATTA AGCCATGTGA ATAAGTAGTA GTCATTATTT GTGAAAAATT CCCAAAAAGC2340
TGGGGAAAAC AAATGTGTAA CTTTCCAGT TACTTGACAC GATTCACTGG GGGAAAACCA2400
GCATTTTTTA TTCTATTGAT ACCAAAGCAT TTCTAATAAG AGCTTGTTAA ATTTAAGAAT2460
AAAGTTATTT AAAATATTCT GAGTATAGTA TATTAAGTGG CATTGTAATT TTGATGATAC2520
AAAGATTGAA AGATCATAGG AAAGCATTGC CCTTCATCAC AGAAGTATTC AACTCTGACA2580
AATAAATATG TCATCCTGAA TTAATAATGC CTTAATAAAA GTACATCCTC CTGCTAAAAA2640

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 168:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1558 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 168

```

GCGAGGAGCT GGCACGCAGC CAGGGCCTTT GCTCAAGAAG CCATACCAGC CAAGAATTAA 60
AATCTCTAAA ACATCAGTGG ATGGTGATCC CCACTTTGTT GTGGATTTC CCCTGAGCAG 120
ACTCACCGTG TGCTTCAACA TTGATGGGCA GCCCGGGGAC ATCCTCAGGC TGGTCTCTGA 180

```

```

TCACAGGGAC TCTGGTGTCA CAGTGAACGG AGAGTTAATT GGGGCACCCG CCCCTCCAAA 240
TGGCCACAAG AAACAGCGCA CTTACTTGGC CACTATCACC ATCCTCATCA ACAAGCCAGA 300
GAGATCTTAT CTCGAGATCA CACCGAGCAG AGTCATCTTG GATGGTGGGG ACAGACTGGT 360
GCTCCCCTGC AACCAGAGTG TGGTGGTGGG GAGCTGGGGG CTGGAGGTGT CCGTGTCTGC 420
CAACGCCAAT GTCACCGTCA CCATCCAGGG CTCCATAGCC TTTGTCATCC TCATCCACCT 480
CTACAAAAAG CCGGCGCCCT TCCAGCGACA CCACCTGGGT TTCTACATTG CCAACAGCGA 540
GGGCCTTTCC AGCAACTGCC ACGGACTGCT GGGTCAGTTC CTGAATCAGG ATGCCAGACT 600
CACAGAAGAC CCTGCAGGGC CCAGCCAGAA CCTCACTCAC CCTCTGCTCC TTCAGGTGGG 660
AGAGGGGCCCT GAGGCCGTCC TAACAGTGAA AGGCCACCAA GTCCCAGTGG TCTGGAAGCA 720
AAGGAAGATT TACAACGGGG AAGAGCAGAT AGACTGCTGG TTTGCCAGGA ACAATGCCGC 780
CAAAGTGATT GACGGGGAGT ACAAGGATTA CCTGGCATCC CATCCATTG ACACAGGGAT 840
GACACTTGGC CAGGGAATGT CCAGGGAGCT CTGAAGCTGG CAGCCTTAAA GATGCAAGTG 900
CATGAAGGAC AGTGATGTGG GGAGGCCGTG GGGCAGCTCT TTTTATGGCT TGTACACGCC 960
TCAGTCTCTG GCAATTAGCT GGAATCCATG ACCCACCCTT GGTGCAGCAT AGATCCGACG1020
TCTGTCTGGG CGAAGGGTAG GGGTGGGTAG GGGCGGGAAG CCTGAGTGCA AATGTCATTT1080
CCCTCTACTG CCTCTTCTG CCTCTCCCA CCCTGCCCAC ATCCACAGAG GGGAGAGAAG1140
GGTCATAGCT AAATGCAACA AAGTCTGTAT CTTGTCCCAA CCTGCTTTTC TGTTCTGTTA1200
GCATATCATA AAGTAAGCCT TTCTGGTGAA GGAAGGTTGC TATGAACTT TTTTCTTGG1260
TGGAAATGGC CAAGTTTAGG CACTCTGCTT TTTGCCTTAC ACTAATGCTT AGAAAGCTGT1320
CTTTTCAGTG GTGTTGCAGC CCCCAGATGT GTGGCCAACC TCTGCTGCAA AGGAATCTCT1380
TGCTGAGTCC AGGCCACCAA TCAGGCAAT AGCCCATACA TTTGATCGTT GTAAACCATG1440
AAGTCTTTTC TTGCAAGACG TTTTCTTCT GCTGTGGTAT CTTGCCCTTA AAAATTAGTT1500
TTCATTAAAA AGAAATTGA TTGAAAATAA AAAACCGGAA TGGAAAAAAA ATTGTTTT 1558

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 169:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1388 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

## (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

## (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

## (iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 169

```

CGGGGTTTAC TGTGTTGGCC AGGCTGGTCT CGAACTCCTG ACCTCATGAT CTGCCCCGCT 60
CAGCCTCCCA AAGTGCTGGG ATTACAAGTG TGAGCCACCA CACCTGGCCT GGAAGGAACC 120
TCTTAAAATC AGTTTACGTC TTGTATTTTG TTCTGTGATG GAGGACACTG GAGAGAGTTG 180

```

```

CTATTCCAGT CAATCATGTC GAGTCACTGG ACTCTGAAAA TCCTATTGGT TCCTTTATTT 240
TATTTGAGTT TAGAGTTCCC TTCTGGGTTT GTATTATGTC TGGCAAATGA CCTGGGTTAT 300
CACTTTTCCT CCAGGGTTAG ATCATAGATC TTGGAAACTC CTTAGAGAGC ATTTTGCTCC 360
TACCAAGGAT CAGATACTGG AGCCCCACAT AATAGATTTC ATTTCACTCT AGCCTACATA 420
GAGCTTTCTG TTGCTGTCTC TTGCCATGCA CTTGTGCGGT GATTACACAC TTGACAGTAC 480
CAGGAGACAA ATGACTTACA GATCCCCCGA CATGCCTCTT CCCCTTGGCA AGCTCAGTTG 540
CCCTGATAGT AGCACGTTTC TGTTTCTGAT GTACCTTTTT TCTCTTCTTC TTTGCATCAG 600
CCAATTCCCA GAATTTCCCC AGGCAATTTG TAGAGGACCT TTTTGGGGTC CTATATGAGC 660
CATGTCCTCA AAGCTTTTAA ACCTCCTTGC TCTCCTACAA TATTCAGTAC ATGACCACTG 720
TCATCCTAGA AGGCTTCTGA AAAGAGGGGC AAGAGCCACT CTGCGCCACA AAGGTTGGGT 780
CCATCTTCTC TCCGAGGTTG TGAAAGTTTT CAAATTGTAC TAATAGGCTG GGGCCCTGAC 840
TTGGCTGTGG GCTTTGGGAG GGGTAAGCTG CTTTCTAGAT CTCTCCCAGT GAGGCATGGA 900
GGTGTTCCTG AATTTTGTCT ACCTCACAGG GATGTTGTGA GGCTTGAAAA GGTCAAAAAA 960
TGATGGCCCC TTGAGCTCTT TGTAAGAAAG GTAGATGAAA TATCGGATGT AATCTGAAAA1020
AAAGATAAAA TGTGACTTCC CCTGCTCTGT GCAGCAGTCG GGCTGGATGC TCTGTGGCCT1080
TTCTTGGGTC CTCATGCCAC CCCACAGCTC CAGGAACCTT GAAGCCAATC TGGGGGACTT1140
TCAGATGTTT GACAAAGAGG TACCAGGCAA ACTTCCTGCT ACACATGCCC TGAATGAATT1200
GCTAAATTTT AAAGGAAATG GACCTGCTT TTAAGGATGT ACAAAGTAT GTCTGCATCG1260
ATGTCTGTAC TGTAATTTT TAATTTATCA CTGTACAAAG AAAACCCCTT GCTATTTAAT1320
TTTGTATTAA AGGAAAATAA AGTTTTGTTT GTTAAAAAAA AAAAAAAAAA AAAAAAAAAA1380
AAAAAAA

```

1388

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 170:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2416 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 170

```

GTCCCTGGCG CCCTGCCTTT AGCCGTGGGG CCCCCACCTC CACCCTCTGG GTTCCTAGG 60
AATGTCCAGC CTCGGAGACC TTCACAAAGC CTTGGGAGGG TGATGAGTGC TGGTCCTGAC 120

```

```

AAGAGGCCGC TGGGGACACT GTGCTGTTTT GTTTCGTTTT TGTGATCTCC CGGCACGTTT 180
GGAGCTGGGA AGACCACACT GGTGGCAGAA TCCTAAAATT AAAGGAGGCA GGCTCCTAGT 240
TGCTGAAAGT TAAGGAATGT GTAAACCTC CACGTGACTG TTTGGTGCAT CTTGACCTGG 300
GAAGACGCCCT CATGGGAACG AACTTGGACA GGTGTTGGGT TGAGGCCTCT TCTGCAGGAA 360
GTCCCTGAGC TGAGACGCAA GTTGGCTGGG TGGTCCACAC CCTGGCTCTC CTGCAGGTCC 420
ACACACCTTC CAGGCCTGTG GCCTGCCTCC AAAGATGTGC AAGGGCAGGC TGGCTGCACG 480
GGGAGAGGGA AGTATTTTGC CGAAATATGA GAACTGGGGC CTCCTGCTCC CAGGGAGCTC 540
CAGGGCCCCCT CTCTCCTCCC ACCTGGACTT GGGGGGAACT GAGAAACACT TTCCTGGAGC 600
TGCTGGCTTT TGCACTTTTT TGATGGCAGA AGTGTGACCT GAGAGTCCCA CCTTCTCTTC 660
AGGAACGTAG ATGTCGGGGT GTCTTGCCCT GGGGGGCTTG GAACCTCTGA AGGTGGGGAG 720
CGGAACACCT GGCATCCTTC CCCAGCACTT GCATTACCGT CCCTGCTCTT CCCAGGTGGG 780
GACAGTGGCC CAAGCAAGGC CTCACTCGCA GCCACTTCTT CAAGAGCTGC CTGCACACTG 840
TCTTGGAGCA TCTGCCTTGT GCCTGGCACT CTGCCGGTGC CTTGGGAAGG TCGGAAGAGT 900
GGACTTTTGT CTGGCCTTCC CTTTCATGGCG TCTATGACAC TTTTGTGGTG ATGGAAGAG 960
TGGGACCTGT CGTCTCAGCC TGTGTTTTC TCCTCATTGC CTCAAACCTT GGGGTAGGTG1020
GGACGGGGGG TCTCGTGCCC AGATGAAACC ATTTGGAAC TCGGCAGCAG AGTTTGTCCA1080
AATGACCCTT TTCAGGATGT CTCAAAGCTT GTGCCAAAG TCACTTTTCT TTCCTGCCTT1140
CTGCTGTGAG CCCTGAGATC CTCCTCCCAG CTCAAGGGAC AGGTCTTGGG TGAGGGTGGG1200
AGATTTAGAC ACCTGAAACT GGGCGTGGAG AGAAGAGCCG TTGCTGTTTG TTTTGTGGGA1260
AGAGCTTTTA AAGAATGCAT GTTTTTTTCC TGGTTGGAAT TGAGTAGGAA CTGAGGCTGT1320
GCTTCAGGTA TGGTACAATC AAGTGGGGGA TTTTCATGCT GAACCATTCA AGCCCTCCCC1380
GCCCCGTTGCA CCCACTTTGG CTGGCGTCTG CTGGAGAGGA TGTCTCTGTC CGCATTCCCC1440
TGCAGCTCCA GGCTCGCGCA GTTTTCTCTC TCTCCCTGGA TGTGAGTCT CATCAGAATA1500
TGTGGGTAGG GGTGGACGT GCACGGGTGC ATGATTGTGC TTAACCTGGT TGTATTTTTC1560
GATTTGACAT GGAAGGCCTG TTGCTTTGCT CTTGAGAATA GTTCTCGTG TCCCCCTCGC1620
AGGCCTCATT CTTTGAACAT CAACTCTGAA GTTTGATACA GATAGGGGCT TGATAGCTGT1680
GGTCCCCCTCT CCCCTCTGAC TACCTAAAAT CAATACCTAA ATACAGAAGC CTTGGTCTAA1740
CACGGGACTT TTAGTTTTCG AAGGGCCTAG ATAGGGAGAG AGGTAACATG AATCTGGACA1800
GGGAGGGAGA TACTATAGAA AGGAGAACAC TGCCTACTTT GCAAGCCAGT GACCTGCCTT1860
TTGAGGGGAC ATTGGACGGG GGCCGGGGGC GGGGGTTGGG TTTGAGCTAC AGTCATGAAC1920
TTTTGGCGTC TACTGATTCC TCCAACCTC CACCCACAA AATAACGGGG ACCAATATTT1980
TTAACCTTGC CTATTTGTTT TTGGGTGAGT TTCCCCCTC CTTATTCTGT CCTGAGACCA2040
CGGGCAAAGC TCTTCATTTT GAGAGAGAAG AAAAAGTGT TGGAACCACA CCAATGATAT2100
TTTTCTTTGT AATACTTGAA ATTTATTTT TTATTATTTT GATAGCAGAT GTGCTATTTA2160
TTTATTTAAT ATGTATAAGG AGCCTAAACA ATAGAAAGCT GTAGAGATTG GGTTCATTG2220
TTAATTGGTT TGGGAGCCTC CTATGTGTGA CTTATGACTT CTCTGTGTT TGTGTATTTG2280
TCTGAATTAA TGACCTGGGA TATAAAGCTA TGCTAGCTTT CAAACAGGAG ATGCCTTTCA2340
GAAATTTGTA TATTTTGCAG TTGCCAGACC AATAAAATAC CTGGTTGAAA TACAAAAAAA2400
AAAAAAAAA CTCGAG 2416

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 171:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2720 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STrang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN



(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 171

```
GGAGCTGTCC CTGACTNTGC AGGCCTGAGC GAGTGTGTGA GCATGCGGGG ACATGGGTGT 60
GTATGGCACA CATAGGTGCG TGTGTGTCTT TTGTATTTT TCTCCTCCAA GGAGCTGTGT 120
CAGTGTGGAC GTTCTGTTTC AGGGAGTTGG AAAGGAGGGT GTCTGCAGAA GGTGGAGAGC 180
AGGGGCAGAG GCCCACTGG CCACCCCTG CTTCCAGAG TGAAACCTTG TGCCTGGTGA 240
CCAAAGTCCC TCCAAAGTGC TCTTCCTTCT GGGTTATTCA AGCCAAATAT CTGGGTTTCC 300
CCCTCTCCTC ATTCCCTAGC AAACCCCAAT TATCTTTCAA GATAGGAGAT ATTTCCCATC 360
CCCTTCCTTT GTAAATATCT CATCTCCAC TGGAGAGCCC AGGAGCCTAT TCCTGGCATG 420
GATGTTCTGT CCACACTTGA GGCTGGGCGG TGTATCAGAC CCTTCAAGCA GCCTGGCTGG 480
GGCCAGGAC TGAGTCTGGG GTCAGCTTTC ACGGTCGCTT TTCCCTTCCT CACCACCAC 540
CACAGCCCAC CTTGCATGCA TGGCCAGCCC CTCCACTCCA GCCTGAGCCA TGTGTGCCCC 600
TGCGGGAGGA CCCATTTCATG CCAGAAAGCT GGTAACCTCC TCCCAGCATC CCTGCGGAAG 660
GAGTCAGTTT CTGAGAGTGT GACTTTTCAA GCGGAATGAT GGGGAAGGGT TCCCAGTCC 720
CCACAGTGGC CCCACCTCTG GGCCCTGCAC CAGAGCCCTT CTGTGTCACG GCGGGCTGTG 780
CACCCATGCA CACACCTACG CACACACAAC ACTCCGCACT GCAGTATATT CTTGCCAAAG 840
ATTTCTTTTA AAAGCAAGCA CTTTTACTAA TTATTATTTT GTAAATGTTT ATCTTCTTCT 900
GTCTTCTCCC TCCCTGAATC TATTTTACTG TTGTTTATTG TTGAATCTGT GTGTCAGCCA 960
GGAGAGCGCT GTCTGGCCTT GAACATGGGC TGGGATGGGA AAGGGTCTGG GAGAAGATGG1020
GCAACAAAGA GCCAGGGAGT CATGGACATC GCAGCGACGC AGACCCAGC AGGTTCACTC1080
CCGTGCTGCC ACCAGCTGTC CAGCTGGGTG TCTGGAGGGA AGAGGGCAGA GGAGGGTCAT1140
GTCCCTTCAG CTGGGGGAGG GGCCAGTGA GCTCCACGTG GCTTTTTCCC AAAGGGAGCA1200
AGAGGGAAGG ATTTGGCGAG AAAACAATGG AGAGGGGACC TGCGAAGGAA AACAGGGAGG1260
AAGTGAACGG TTTGATCAGC CTGCTATCAC GGTGTTCTGG CTCTCTTATT TAGCCAGGCG1320
CTTAAGGGAC AGATACATCA CATCCTAAGT TTGGGAAAGG CCTTTGACCC ATGTCATCTG1380
AGCGTCTCCT CCAGTAGCTC TGAAAGCTGT GGACACCAAT GGCCAGGATT CCTTCTCCCC1440
TGTTTTTTGA GGATCCCTGG GTCTTCTGAG ACTGGCCAGG AGAGGGATGG TGGGGCCAGT1500
GGTTGTGTGA AAGCAGGAGG GGCAGCCCTC CTGGACAAGT GTGATCCCC TATAAACGGC1560
TCTCAGGAGG TTAGTGAGTA GGAGATTCTG CCTTGTCTG ATGAGCCTGT GCAGGGGCTC1620
CAGGGGAGCA TGCTGTCCAG GGGGCACAGA AGGGTGGTGA GTGTGATCAA ATCTAGTCTC1680
ACTCCCACTT TTTTAGTCTC ACTCCTACTT TTGTCCACCA CCCCTGCCTC CTGGATCTTC1740
TCCCACTTTT TTTTTCAGCT TTAGGACCTG GGGAGATCCT GTGAGTCAAG GCAGACACCC1800
AATCCTGCCC CCACACTCGG GGGTCCTCCC AAGAGGTTGG GGGGCAGAGT CCCAGAGCAG1860
CCCTTTACCC CAGGTCCAGG CCTTGAATC CTGAGACTCG CGTTTCCTTG GCCAGTGGTA1920
ACACAGGACG TGTGTGCGCA TGTGCAAGT TGGATGTATG TGTGTGCGTG TGTTTTGCTC1980
ATTTCTTTAG GGAACCTGGG AGTCGGGGTT GGAGGTGCTG GGCAATGGAA CTTCAAATTC2040
AATGTCGCCC AGCAGTGAGG GGAGTCGGGA GGTGAGGCCT GTAGGCCAAC CAATTGGTGG2100
AGTCTCAGCG ATAGCCCAGG TGAGAAGTGG TTCACCCAGA GGGGCAGGGT GGGGGCCTCG2160
GGCAGATCTG TCCCTCTTGG GCACCTCTGT CCTCAAATGT CCAAATGTT GGAGGACCTC2220
TGTTCAATATC CCACGCCTGG GCTCTTGCCA GCAGTGGAGT TACTGTAGAG GGATGTCCCA2280
AGCTTGTTTT CCAATCAGTG TTAAGCTGTT TGAAACTCTC CTGTGTCTGT GTTTTGTGTTG2340
TGCGTGTGTG TGAGAGCACA TCAGTGTGTG CAGGCTGTGT TTCCCCATTT CTCTCCTCCC2400
TTCAGACCCA TCATTGAGAA CAAATGTAAG AAATCCCTTC CCACCACCT CCCTGCCTCC2460
CAGGCCCTCT GCGGGGGA CAAGATCACC CAGCATCCTT CCCCACCCCA GCTGTGTATT2520
```

TATATAGATG GAAATATACT TTATATTTTG TATCATCGTG CCTATAGCCG CTGCCACCGT2580  
GTATAAATCC TGGTGTCTGC TCCTTATCCT GGACATGAAT GTATTGTACA CTGACGCGTC2640  
CCCCTCCTG TACAGCTGCT TTGTTTCTTT GCAATGCATT GTATGGCTTT ATAAATGATA2700  
AAGTTAAAGA AAAC TCAAAA 2720

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 172:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2987 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 172

CTCAATGCAG AGGATTTAAT CTAAAAGCAT ACAGAAATGC AGCTGAAATT GTGCAGTATG 60  
GAGTAAAAAA TAACACCACT TTTCTGGAGT GTGCCCCCAA GTCTCCGCAG GCATCTATCA 120  
AGTGGCTGTT ACAGAAAGAC AAAGACAGGA GGAAAGAGGT TAAGCTGAAT GAACGAATAA 180  
TAGCCACTTC ACAGGGACTC CTGATCCGCT CTGTTCCAGG TTCTGACCAA GGACTTTATC 240  
ACTGCATTGC TACAGAAAAT AGTTTCAAGC AGACCATAGC CAAGATCAAC TTCAAAGTTT 300  
TAGATTGAGA AATGGTGGCT GTTGTGACGG ACAAATGGTC CCCGTGGACC TGGGCCAGCT 360  
CTGTGAGGGC TTTACCCCTC CACCCGAAGG ACATCATGGG GGCATTGAGC CACTCAGAAA 420  
TGCAGATGAT TAACCAATAC TGCAAAGACA CTCGGCAGCA ACATCAGCAG GGAGATGAAT 480  
CACAGAAAAT GAGAGGGGAC TATGGCAAGT TAAAGGCCCT CATCAATAGT CGGAAAAGTA 540  
GAAACAGGAG GAATCAGTTG CCAGAGTCAT AATATTTTCT TATGTGGGTC TTATGCTTCC 600  
ATTAACAAAT GCTCTGTCTT CAATGATCAA ATTTTGAGCA AAGAACTTG TGCTTTACCA 660  
AGGGGAATTA CTGAAAAGG TGATTACTCC TGAAGTGAGT TTTACACGAA CTGAAATGAG 720  
CATGCATTTT CTTGTATGAT AGTGACTAGC ACTAGACATG TCATGGTCCT CATGGTGCAT 780  
ATAAATATAT TTAACCTAAC CCAGATTTTA TTTATATCTT TATTCACCTT TTCTTCAAAA 840  
TCGATATGGT GGCTGCAAAA CTAGAATTGT TGCATCCCTC AATTGAATGA GGGCCATATC 900  
CCTGTGGTAT TCCTTTCCTG CTTTGGGGCT TTAGAATTCT AATTGTGAGT GATTTTGTAT 960  
ATGAAAACAA GTTCCAAATC CACAGCTTTT ACGTAGTAAA AGTCATAAAT GCATATGACA1020  
GAATGGCTAT CAAAAGAAAT AGAAAAGGAA GACGGCATT AAAGTTGTAT AAAAACACGA1080  
GTTATTCATA AAGAGAAAAT GATGAGTTTT TATGGTTCCA ATGAAATATG TTGGGGTTTT1140  
TTTAAGATTG TAAAAATAAT CAGTTACTGG TATCTGTCAC TGACCTTTGT TTCCTTATTC1200

```

AGGAAGATAA AAATCAGTAA CCTACCCCAT GAAGATATTT GGTGGGAGTT ATATCAGTGA1260
AGCAGTTTGG TTTATATTCT TATGTTATCA CCTTCCAAAC AAAAGCACTT ACTTTTTTTG1320
GAAGTTATTT AATTTATTTT AGACTCAAAG AATATAATCT TGCCTACTC AGTTATTACT1380
GTTTGTTCTC TTATTCCTTA GTCTGTGTGG CAAATTAAC AATATAAGAA GGAAAAATTT1440
GAAGTATTAG ACTTCTAAAT AAGGGGTGAA ATCATCAGAA AGAAAAATCA AAGTAGAAAC1500
TACTAATTTT TTAAGAGGAA TTTATAACAA ATATGGCTAG TTTTCAACTT CAGTACTCAA1560
ATTCAATGAT TCTTCCTTTT ATTAATAACA GTCTCAGATA TCATACTGAT TTTTAAGTCA1620
ACACTATATA TTTTATGATC TTTTCAGTGT GATGGCAAGG TGCTTGTTAT GTCTAGAAAG1680
TAAGAAAACA ATATGAGGAG ACATTCTGTC TTTCAAAGG TAATGGTACA TACGTTCACT1740
GGTCTCTAAG TGTAAGAGTA GTAAATTTTG TGATGAATAA AATAATTATC TCCTAATTGT1800
ATGTTAGAAT AATTTTATTA GAATAATTTT ATACTGAAAT TATTTTCTCC AAATAAAAAAT1860
TAGATGGAAA AATGTGAAAA AAATTATTCA TGCTCTCATA TATATTTTAA AAACACTACT1920
TTTGCTTTTT TATTTACCTT TTAAGACATT TTCATGCTTC CAGGTAAAAA CAGATATTGT1980
ACCATGTACC TAATCCAAAT ATCATATAAA CATTTTATTT ATAGTTAATA ATCTATGATG2040
AAGGTAATTA AAGTAGATTA TGGCCTTTTT AAGTATTGCA GTCTAAAACT TCAAAAACTA2100
AAATCATTGT CAAAAATAAT ATGATTATTA ATCAGAATAT CAGAATATGA TTCACTATTT2160
AAACTATGAT AAATTATGAT AATATATGAG GAGGCCTCGC TATAGCAAAA ATAGTTAAAA2220
TGCTGACATA ACACCAAACT TCATTTTTTA AAAAATCTGT TGTCCAAAT GTGTATAATT2280
TTAAAGTAAT TTCTAAAGCA GTTTATTATA ATGGTTTGCC TGCTTAAAG GTATAATTAA2340
ACTTCTTTTC TCTTCTACAT TGACACACAG AAATGTGTCA ATGTAAAGCC AAAACCATCT2400
TCTGTGTTTA TGGCCAATCT ATTCTCAAAG TTAAGAGTAA AATTGTTTCA GAGTCACAGT2460
TCCCTTTATT TCACATAAGC CCAAACCTGAT AGACAGTAAC GGTGTTTAGT TTTATACTAT2520
ATTTGTGCTA TTTAATCTT TCTATTTTCA CAATTATTAA ATTGTTGACA CTTTCATTAC2580
TTTTAAAAAT GTAGAAATTC TTCATGAACA TAACTCTGCT GAATGTAAAA GAAAATTTTT2640
TTTCAAAAAT GCTGTTAATG TATACTACTG GTGGTTGATT GGTTTTATTT TATGTAGCTT2700
GACAATTCAG TGACTTAATA TCTATTCCAT TTGTATTGTA CATAAAAATT TCTAGAAATA2760
CACTTTTTTC CAAAGTGTA GTTTGTGAAT AGATTTTAGC ATGATGAAAC TGTGATAATG2820
GTGAATGTTT AATCTGTGTA AGAAAAACAA CTAAATGTAG TTGTCACACT AAAATTTAAT2880
TGGATATTGA TGAATCATT GGCCTGGCAA AATAAACAT GTTGAATTCC CCAAAANNGT2940
NCTTTNAAAA GANGACTTGC AGGGTGCACA GTCAGAAATT GAGGCAA 2987

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 173:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 892 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

## (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

## (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

## (iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 173

```

TTTTTTCGGG AGGCAGAGTC TCCCTTTGTC GCCAGGCTGG AGTGCAGTGG TGCCATCTCG 60
GCTCACTGCA GCACTGTCTC GGCTCACTGC AGCCTCCGGC CTCCCGTATT CAAGCGATTG 120
TCCTGTCTCA GCCTCCTGAG TAGCTGGGAC TACAGGTGTG CACCACCACG CCCGGCTAAT 180
TTTTGTATTT TTAGTAGAGA CGGGGTTTCA CTGTGTTGGC CAGGATGGTC TCAATCTCGA 240
CCTCGTGATC CNGCCACCT TGGCCTCCCA AAGTGTGGG ATTACAGGCN GTGACTCACC 300
ATGCCCAGCC ACTTAGTTTT TTCTTATTCC CACCTTTCTA TCCCATAGAA CACTCTTTTT 360
TATCTTCCCT GAACCANTAT TGNATGAGAT AAATANGGGC TGGGGGCTGG GNCCCCGCNT 420
GNGTCACNTC AACANGAGTN ATTTNCCCTT GGNCCGNAGA TNGGAAGTTT TGTNCCCAAT 480
ANGATGNAGC TGCTNGAGTA TCAACAAGN TGACATTTTT CTGNCTGNCC CNATTTGTGT 540
CCTGGNNNAG ACNGGTNGGT ACCCTGAAGG NCAGANGGCC NAGCTGCCGC AAGACAGCAA 600
NTGACAGTCC ACCTGCCGAC CTGATTCCTG CATCATGGAA TAANCCACNA TGGCTACCTT 660
CTATCCTCTG TTNCCCAAAT GGTGGNNTGG CACTTATCCT GAAGTCGTCN AATGATTTCC 720
CTTTGNAAAC TACTTTATTT TACTAATTTA AACTATTTTG TACTGATGTA GCCCTGAGGT 780
ANGTTCATGA AAATGCTGTG CACTCATTCC NATGGAATAA ATGTTGGAAA GCTGATCTTT 840
TCTGATATAA AATGTTGAAT GATANNAAAA AAAAAAAAAA AAAAAAAAAA AA 892

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 174:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1679 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 174

```

GCACCCACTG GAAACACAGA CGGCACTCTG CGAAAGAGGA AGGGGCGCCA GGAGCTTGGA 60
TTAGAAAAC GAAGCTTCAA GAACAGACTT GCCTAACAAC AGGAAACTTG TATGTCTCGA 120

```

```
AGTGGCAATT CACACATAAG GCTCCATGAC TCCTGAACGC CTCACAAATA TTAGTTGGCT 180
CTTTTCATGG TTTTACTGAA CTTGCTAGAA GTTTACAGGC AAGGAAGTGC AGGAACATTT 240
CACAAATCTA CAATCTGTGA GTATCACATC CTGTATAGCT GTAAACACTG GAATAAGGAA 300
GGGCTGATGA CTTTCAGAAG ATGAAGGTAA GTAGAAACCG TTGATGGGAC TGAGAAACCA 360
GAGTTAAAC CTCTTTGGAG CTTCTGAGGA CTCAGCTGGA ACCAACGGGC ACAGTTGGCA 420
ACACCATCAT GACATCACAA CCTGTTCCCA ATGAGACCAT CATAGTGCTC CCATCAAATG 480
TCATCAACTT CTCCCAAGCA GAGAAACCCG AACCACCAA CCAGGGGCAG GATAGCCTGA 540
AGAAACATCT ACACGCAGAA ATCAAAGTTA TTGGGACTAT CCAGATCTTG TGTGGCATGA 600
TGGTATTGAG CTTGGGGATC ATTTTGGCAT CTGCTTCCTT CTCTCCAAAT TTTACCCAAG 660
TGACTTCTAC ACTGTTGAAC TCTGCTTACC CATTTCATAGG ACCCTTTTTT TTTATCATCT 720
CTGGCTCTCT ATCAATCGCC ACAGAGAAAA GGTTAACCAA GCTTTTGGTG CATAGCAGCC 780
TGGTTGGAAG CATTCTGAGT GCTCTGTCTG CCCTGGTGGG TTTCAATTATC CTGTCTGTCA 840
AACAGGCCAC CTTAAATCCT GCCTCACTGC AGTGTGAGTT GGACAAAAAT AATATACCAA 900
CAAGAAGTTA TGTTTCTTAC TTTTATCATG ATTCACTTTA TACCACGGAC TGCTATACAG 960
CCAAAGCCAG TCTGGCTGGA ACTCTCTCTC TGATGCTGAT TTGCACTCTG CTGGAATTCT1020
GCCTAGCTGT GCTCACTGCT GTGCTGCGGT GGAAACAGGC TTA CTCTGAC TTCCCTGGGG1080
TGAGTGTGCT GGCCGGCTTC ACTTAACCTT GCCTAGTGTA TCTTATCCCT GCACTGTGTT1140
GAGTATGTCA CCAAGAGTGG TAGAAGGAAC AACCAGCCAA TCACGAGATA CACATGGGAG1200
GGCATTTGCA TTGTGATGGA AGACAGAGAA GAAAAGCAGA TGGCAATTGA GTAGCTGATA1260
AGCTGAAAAT TCACTGGATA TGAAAATAGT TAATCATGAG AAATCAACTG ATTCAATCTT1320
CCTATTTTGT CAGCGAAGGG AATGAGACTC TGGGAAGTTA AATGACTGGC CTGGCATTAT1380
GCTATGAGTT TGTGCCTTTG CTGAGGACAC TAGAACCTGG CTTGCCTCCC TTATAAGCAG1440
AAACAATTTC TGCCACAACC ACTAGTCTCT TTAATAGTAT TGACTTGGTA AAGGGCATT1500
ACACACGTAA CTGGATCCAG TGAATGTCTT ATGCTCTGCA TTTGCCCCTG GTGATCTTAA1560
AATTCGTTTG CCTTTTAA GCTATATTAA AAATGTATTG TTGAATCAAA AAAAAAAGG1620
GAGTGAGAGG TGGGGTGGGG GGGGGGAGGA GGGGGGGCCG TTTAGGGGGG GCCGGGTTT 1679
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 175:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2411 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 175

TTCCAACGTT CCCCTTGCCT AAAATGTCCT GGCAAACCAT GGAAGCTTTG ATGCAAGAAC 60  
CCTGTTGTAC TGGAGTTTTT CTCCCCTGTG AAAACGTAAC TTACTGTTGG GAGTGAATTG 120  
AGGATGTAGA AAGGGTGGTG GAACCAAAT GTGGTCAATG GAAATAGGAG AATATGGTTC 180  
TCACTCTTGA GAAAAAACC TAAGATTAGC CCAGGTAGTT GCCTGTAAC TCACTTTTTC 240  
TGCCTGGGTT TGATATAGTT TAGGGTTGGG GTTAGATTAA GATCTAAATT ACATCAGGAC 300  
AAAGAGACAG ACTATTAAC CCACAGTTAA TTAAGGACGT ATGTTCCATG TTTATTGTTT 360  
AAAGCAGTGT GAATAGCCTT CAAGCATGTG AATAATCTTC CATCTTCCCC GCCACACATA 420  
CACACACACA CTTTTTGTTT CTTTCAGGTA GACACCTTTT AAAATGCAGA ACTAAGTGA 480  
GCATTTAGT AACTTTGCTT TCAAATCAAT AAAGTCAAAT GTATGGAAAC ATTTTGTGCC 540  
CTACTCTCCA TACCCCGTGT ACTCAAATTC TCTACTGTAT GAATTATGCT TTAAGTAGAA 600  
TTCAGTGCCA AGGAGAACTT GGTGAAATAA ATTATTTTAA TTTTTTTTTT ATCCTTTTACA 660  
AAGCCATGGA TTTTATTTGG TTGATGTGTG CTCTGTACAC AAGCCATTTT AATAGGATGG 720  
AGCTGTTAAT TATTTTCCAA AGAGTAATAG ACATGCAAAA GTTTCAATAA AAAGTGGGCC 780  
ATTAACAAAT AAATTAATAA ACTAATAAGC ATTCCCTTCT AGGTTTTTGC CAACTGCCT 840  
ATCCAATAAC AAATTTGAGA ATCGTTGAAA AAGCTAGTTA TATTTAGAG AAATGATTTT 900  
CATTATTGAA ACTGTTCTCC CTAGCAGGCC ATTTTCCCTT TTTCTGGGA GTTTAGCAAG 960  
TTTAGGAGAG AATAGTCATG AAAAGAAAGG GAAGAAAGGG GAGAAGGGAA GAGGTAAAAA 1020  
AGTAAGTGCT CAGACCTATG AACGTAATCC CTTTGCTAGA AATATTTAAG AGCAGCTCAG 1080  
CTTGGTTGAA ACTGAGTTTT GTCATCTTCC ATATTTGCAG GAAGGTATTT TCTGACTTGC 1140  
AATGCAGCTA GATGTAAAAT TTTATTTTAT CATACTAGAA AGCCTTGACT AGAAAAATGA 1200  
ATAAATATTG AGGGTTTCCT GTCCATATCT GGCTTGCTAG TGCCAGAAAG CAGAGAAATAG 1260  
AAAATGTAAT CTCCAACATC CAAGCATCGA AACCCAAGGG GTAGGCAATT CTATGTAGGT 1320  
TTTGGACATG AAGTTTGGTG CATCTTGGTT TATGCTGGCT CAACTGCTAT TAAACCTCTC 1380  
TGGCTTATAG TCTCTTCATT CTATTAGACA AGCAGTATC GAACACTTGC TTCGCACAAG 1440  
GCTCTTTAGT TAACAATTTA GCAGCTACTG TTTGTGTTAA ACACACTTTT CACCAATAG 1500  
GTTCTGAGGC AAACGAGAGC AATGACTATT TAAAGAAAGG CTTTCCCAGC ATCACTTACA 1560  
CATCCCCAAA CTAAAAAGAT CAACTCTTCC AACTGAGAAA AGACTCCTGG CTTTGAATGG 1620  
AAACTTACAG CAGAGAGTCA CAGGCCACGG CAACAACAAC GACAACAACA AACATTTGGA 1680  
ATATTATTCT CAACTCACGT TTTAATAATA CATCTTATTA TTTTCTAGT AGAGAAACTA 1740  
CAAATCAGCC TCTTCAACAT TTATATACAG TTTAATAAGC CTCTTGCAAG TTACTTGTTC 1800  
TCTCACCTGA GGTATTTTTT TCCTCCCCAC CTTGCCCCTG TTCCTCCCTT CCTCTTCTCC 1860  
CTTTGCAAGA GGAAATATTT AACATATTTG GGTCCAATT CAATAATGTA ATAATTAATA 1920  
CATTAAAAGC ATTTAACTTC CTTTCTAGAA AAATGCACAG GCTAAGGCAT AGACAAAACA 1980  
AAGAGAAATG CTGAGAAATT TGCCACTGGA GACAAGCAAT CTGAATAAAT ATTTGCCAAA 2040  
AGTTCTTTTT ATGTCATATA GTGTCAGGAT TTGAAGGAGC TATTTTTTTT TAATGTTGCA 2100  
ACTAGCAACT CATCTTCGGA AGACACAGCC AGGAGAATGA AGTAGAAGTG AAAGGTTTAT 2160  
AAATCCATTT GTAAGCATTT ATCCCATATA TTTTAAATTC AAGAAAAATT GTGTTTATCT 2220  
TTAGAATTTT GTATTCAATA CTTTATGTAC TATGTGACTC ATGCTTCTGG ATAAATAAAG 2280  
CACCAAAATAT GTATCTGTAA CCACAATCAC ACATATTATA TTAAATATAT ATCTATATAA 2340  
CAGCCAAAAA AAAAAAATAA AAACACAAGA AAAAGAAAGG GAGAGGGGGG GGGAGAGAAG 2400  
GGGGGGGAGG T 2411

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 176:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 3450 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 176

```
CTCGTCCCAA ACCAGGACAC CCTCTCTACA GTAAATACAT GCGTGGGGAT GTACTTGTGA 60
TGCTGAAGCA GACGGAAAAT AATTACTTGG AGTGCCAAAA GGGAGAAGAC ACTGGCAGAG 120
TTCACCTGTC TCAAATGAAG ATTATCACTC CACTTGATGA ACATCTTAGA AGCAGACCAA 180
ACGATCCAAG CCACGCTCAG AAGCCTGTTG ACAGTGGTGC TCCTCATGCT GTCGTTCTTC 240
ATGATTTCCC AGCAGAGCAA GTTGATGATT TGAACCTCAC TTCTGGAGAA ATTGGTTTAT 300
CTTCTGGAGA AGATAGATAC AGATTGGTAC AGAGGGAACT GTAGAAACCA GATTGGCATA 360
TTTCCTGCCA ACTATGTCAA AGTGATTATT GATATCCCAG AAGGAGGAAA TGGGAAAAGA 420
GAATGTGTTT CATCTCATTG TGTTAAAGGC TCAAGATGTG TTGCTCGGTT TGAATATATT 480
GGAGAGCAGA AGGATGAGTT GAGTTTCTCA GAGGGAGAAA TTATTATTCT TAAAGAGTAT 540
GTGAATGAGG AATGGGCCAG AGGAGAAGTT CGAGGCAGAA CTGGGATTTT CCCCCTGAAC 600
TTTGTGGAGC CTGTTGAGGA TTATCCCACC TCTGGTGCAA ATGTTTTAAG CACAAAGGTA 660
CCACTGAAAA CCAAAAAAGA AGATTCTGGC TCAAACTCTC AGGTTAACAG TCTTCCGGCA 720
GAATGGTGTG AAGCTCTTCA CAGTTTTACA GCAGAGACCA GTGATGACTT ATCATTCAAG 780
AGGGGAGACC GGATCCAGAT TCTGGAACGT CTGGATTCTG ACTGGTGCAG GGGCAGACTG 840
CAGGACAGGG AGGGGATCTT CCCAGCAGTG TTTGTGAGGC CCTGCCCAGC TGAGGCAAAA 900
AGTATGTTGG CCATAGTACC GAAGGGGCAG GAAGGCCAAA GCCTTATATG ATTTCCGAGG 960
GGAGAATGAA GATGAACTTT CCTTCAAGGC TGGAGATATA ATAACAGAGC TGGAACTCTGT1020
AGATGATGAC TGGATGAGTG GAGAACTTAT GGGAAAATCT GGAATATTTT CCAAAAACTA1080
CATACAGTTT CTACAGATCA GCTAGAGGAG AAGCTTGTCT GTGTTCCCTG GCACAAGAAC1140
TCACTTGAAC TATCACCTTG ACTATCAGAT ATGTTTTTGC ACTATTTTTT TTAAGTGA1200
AAGAAATATC TAAGCTGTAC ATGGTACACT AGAATTTTCT GAAAGCAGAA AACGTTCA1260
TTTTGTAGTT AATTTTCATT ACAATAGAAA CATGCACATG GAAACCCATG AGCTAGGATT1320
CTACCGAGGA AAACATCTAG TGGGATTAGC AAGGTGAAGG GAAAGCATCT GGTGGCATGG1380
CAGCATGGGG AGGCTCACAC ACAGAAGTTG CACGTGGACA TCTGTTTTAA TCAGCACAAG1440
TGAATTAACC ATGCTTCTTC ATTTTTTTAC TTTAGTTAAA AAAGAGGACA TTTAATATTC1500
TACATGCTGT AACTATCAGG ACATGGTTAG CAATCTCAAT TTCATTTTTG ATATTCAAAT1560
TAATTCCTAC AGCTTGAGCA TATCAGCCTT ATTACCAGAG CAAATCCTTC CTTCAGATGG1620
GATAGTTTAC TGACTAGTTG GAGCATTGTG AAGCACATGG TGAAATCAGC CCCTGCCAC1680
CAAATAATC TTTATGTTAC CAAGTGATTC CCATTTGTCT AAGGATTTGA AGGGGGTCTA1740
AATTGGATGT ATCTTAGTCT AAAGAACCAA AACCATCCCT GAAATGCCTT GCTAATACAA1800
CTAATCCTTC CATATATGTG CCATACTTAT TTTTTCCTC AGTGTATACT TTATGTTAAC1860
AGGGTTATTA CAAAGCACAT TTTCTGAATC TGCAATCATT CCTTTGACAA TTACTGGACC1920
CAAAGGAAAA TTCATTTTCT TTGCATTATT CCAGTAATAT ATAAAACTG TGTCTGTTA1980
TAGTAGTACA TTATGAATCA CATATAAAAT CTTACAATAC AGAACAACCTG TTAAGATGGA2040
```

```

AAACAGTGCC AAACCTCCAC AGCTCATTTT TTTGTAATAT AATCAGAATG AAAAATAATT2100
TAAGAGGACA GAAGACTGGT ACTTTTTTGT TTTATTTTTT CTCTAGCTTA TCCCTGCACA2160
ATTATTAGAG TGAATGAAAA ACCACTTTCC TGCTTTCCAT TGTTATAAAT TCTAAGCTTA2220
AGATAAAAGT GGTTCCTTAC ATGACTGAAT CAATTACAAT TTATGGGCTA GAGCCAAATA2280
GGTTGAAGAC AATCATCCAA ACAGATCAAT GGAATAGAAT TTCATTGGAA ATGTAAAACA2340
CTTTCCCAAC AATGGTCATG ACTTTCTTCT GTTTTGTAGA AGAGTTTCAT ATGCTGGACC2400
ACATTTTAGC TTTTATTGTT TTTTTTTTCC CATTGTCCAA AAAAGTTAAGC AACAAGTGGC2460
CACACTTTTA CGTGA CTACA ACCTGGAGTT CTGCAAAGAA GGTAATATTT ACTTGGTCTT2520
TGACTAAAGT TATCTCCCCA TTCTATGGTT ACATTTTATT TTGGACTATG GGGACTTCTA2580
ATACGTTTTG GTAAAGAAGA GAGTATAAAG AAAATTCTTG TCAAATTTCA CTCAAAGTA2640
ATTTTCATGAG AAATCAATGA TTAAAGCAT TATCCAAATT AAATTATCAT TTGCAGCAA2700
CTGTACAACA GCAGGAAGGA TATGGAATGG AACATGAGGT ATATATCTTT GCCTTTATAA2760
TTTTAACATC TTATATTGAA GATTCTGAAA ACCTATCTTT ATTAGAGGAA AATCTCAATC2820
TTCAGTTTTG GCCTTCTGTC ACCAGAATGA TAAGTGCAAT AGTTGTAAAT CACTTGACA2880
CTGTAATAAA CTGAACTGAA CTTTCAAAT CCCTTCTCA TACTAGACTG AGTTTTTTTGA2940
GAATGGAGGT GGAACCTTTT TTTTTTTTTT TTGTGAGACA GGATTAAATT CCCTTCGACC3000
CAGGCTGGAG TGCAATGCAA TGTTGGCTCA CTGCAGCCTC TGCTCCTGG GGCTCAAAGT3060
GATTCTCCTG CCACAGCCTC CTGAGTAGCT GGGACTACAG GCGCACACCA CCCGTGCCCA3120
GCTAATTTCT GGTATTTTTT TTTCTTTTGT TAGAGACAGG GTTTCGCCAT GTTGCCAGG3180
CTGGGTTTCA AACACCTGGG CTCAAGCAGT CTGCCTGCCT CAGCCTCCCA AAGTGCTGGT3240
AATACTGCAC CTGGGCCTGT GGTACCTTAT TTATCTTGT ATCTCTAGTC CTTTGCACCA3300
TTCAGCCTCA ATAAAGGTTG GTTGGTGGGT TGGGTGAGTT GGTTGGTTGG AATGGATGGA3360
TGGATGGATG AATGACTTTC ACATACAGCA ATACCATCTT GGATTCAC TC AATATCTTTC3420
CTCTTTAATT TTTGACATAA ATCTATACTA

```

3450

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 177:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 874 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

## (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

## (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

## (iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 177



```

CGGGGGCGAG CCGGGCCTGC GCGGTAGTGG GACCCGACCC TGTCTCCAGT GGGCGTCTTG 60
GGCCCCGGCT CTATTCTGGG CTGCGGGCCT GGGGAAGGGCT CGCCGGGTGC CAAATGAGCT 120
GTCCTAACTC TCGGGGGCTG CAGCTTCCTG CATGATGCTG GGGAGCTTGG CGCCTGACCC 180
AGGATCTAGA AGGCACTCTG GGCAGGCCGC SCTCCGCCCA CGAAGGTACC CAACCCTCTG 240
GGATAGATGC AGGAAGCGAT GGTAAAGACC CATTTTCACC CAACTTCTCG CCGCAGTCTG 300
GCTTACCACA CGCTCCTCCC CATTCCCAGT GAGCCGCTTT TTGCAGCACC AGGCGAACAC 360
TTACACCACT GCTTTGTAAA GGAATCTTAT TGTCACCCCC GTGTCTTGGC AAAAGAACAG 420
TGATCACACA GATTCTACT TGGGCTCTTT CCTTTAATCT TCGGAGGCTG AGTTTGCCCA 480
ACTCAGGTTT AACCACCAAG GACTCTGAGA GCTGGCAGGT CTGAGTAACC CTGGTAACAA 540
TTCTCTTCAC CTTATCAAAA CCTGAGCTAA AACCAATGCA TCAGCTGATG ATGACAGCAG 600
AGAGTGGCAG GGCTGAGGAC CCAAAGTCAT TTCCCAGGCT GGCGGAGAAT AAAGTGCCAG 660
GGAGAAGAAT GAGAAGACAG GAGACAACT GTTTGGAAAG CTAAATCTTC CCTCTTAATG 720
AATAAAGTT TTTGCCTTGT CTAAAAAAT AACAGGAAGA AGCAGGGAAA AATAAATAAC 780
TTATGGTAAT CTGGAATTGT ATTTTGTAAT ATTAAGTGTT TTGAACCTCT AACATTTACC 840
TTCCCCAAAA ATCGAACCTT CAGGTTTCAA AAAT 874

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 178:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 3265 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

## (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

## (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

## (iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 178

```

TACTTCTGCA TGATGACAGA AGCCGAGCAG GACAAGTGGC AGGCTGTGCT GCAGGACTGC 60
ATCCGGCACT GCAACAATGG AATCCCTGAG GACTCCAAGG TAGAGGGCCC TGCCTTCACA 120
GATGCCATCC GCATGTACCG ACAGTCCAAG GAGCTGTACG GCACCTGGGA GATGCTGTGT 180
GGGAACGAGG TGCAGATCCT GAGCAACCTG GTGATGGAGG AGCTGGGCCC TGAGCTGAAG 240
GCAGAGCTCG GCCCGCGGCT GAAGGGGAAA CCGCAGGAGC GGCAGCGGCA GTGGATCCAG 300
ATCTCGGACG CCGTGTACCA CATGGTGTAC GAGCAGGCCA AGGCGCGCTT CGAGGAGGTG 360
CTGTCCAAGG TGCAGCAGGT GCAGCCGGCC ATGCAGGCCG TCATCCGAAC TGACATGGAC 420
CAAATTATCA CCTCCAAGGA GCACCTTGCC AGCAAGATCC GAGCCTTCAT CCTCCCCAAG 480
GCAGAGGTGT GCGTGCAGAA CCATGTCCAG CCCTACATCC CATCCATCCT GGAGGCCCTG 540

```

ATGGTCCCCA CCAGCCAGGG CTTCCTGAG GTGCGAGATG TCTTCTTCAA GGAGGTCACG 600  
GACATGAACC TGAACGTCAT CAACGAGGGC GGCAATTGACA AGCTGGGCGA GTACATGGAG 660  
AAGCTGTCCC GGCTGGCGTA CCACCCCTG AAGATGCAGA GCTGCTATGA GAAGATGGAG 720  
TCGCTGCGAC TGGACGGGCT GCAGCAGCGA TTTGATGTGT CCAGCACGTC CGTGTTC AAG 780  
CAGCGAGCCC AGATCCACAT GCGGGAGCAA ATGGACAATG CCGTGTATAC GTTCGAGACC 840  
CTCCTGCACC AGGAGCTGGG GAAGGGGGCC ACCAAGGAGG AGCTGTGCAA GTCCATCCAG 900  
CGGGTCCTGG AGCGGGTGCT GAAGAAATAC GACTACGACA GCAGCTCTGT GCGGAAGAGG 960  
TTCTTCCGGG AGGCGCTGCT GCAGATCAGC ATCCCGTTCC TGCTCAAGAA GCTGGCCCTT 1020  
ACCTGCAAGT CGGAGCTGCC CCGGTTCCAG GAGCTGATCT TCGAGGACTT TGCCAGGTT 1080  
ATCCTGGTGG AAAACACGTA CGAGGAGGTG GTGCTGCAGA CCGTCATGAA GGACATCCTG 1140  
CAGGCTGTGA AGGAGGCCGC GGTGCAGAGG AAGCACAAACC TCTACCGGGA CAGCATGGTC 1200  
ATGCACAACA GCGACCCCAA CCTGCACCTG CTGGCCGAGG GCGCCCCCAT CGACTGGGGC 1260  
GAGGAGTACA GCAACAGCGG CCGGGGCGGC AGCCAGCCC CAGCACCCCG GAGTCAGCCA 1320  
CCCTCTCGGA AAAGCGACGG CGCGCCAAGC AGGTGGTCTC TGTGGTCCAG GATGAGGAGG 1380  
TGGGGCTGCC CTTTGAGGCT AGCCCTGAGT CACCACCACC TGCGTCCCCG GACGGTGTCA 1440  
CTGAGATCCG AGGCCTGCTG GCCCAAGGTC TGCGGCCTGA GAGCCCCCA CCAGCCGGCC 1500  
CCCTGCTCAA CCGGGCCCCC GCTGGGGAGA GTCCCCAGCC TAAGGCCGCC CCCGAGGCCT 1560  
CCTCGCCGCC TGCCCTACCC CTCCAGCATC TCCTGCCTGG AAAGGCTGTG GACCTTGGGC 1620  
CCCCAAGCC CAGCGACCAG GAGACTGGAG AGCAGGTGTC CAGCCCCAGC AGCCACCCCG 1680  
CCCTCCACAC CACCACCGAG GACAGTGACG GGGTGACAGC TGAGTTCTAG GCCAGTGGGT 1740  
CCCTGACTGC TGCACATGGC ACAGGCCGTT CCCTTCCGGA CCCAGGCAGG CTCAGCTCTG 1800  
GGGAGGGCAC CCTGGTCTGT GCCTTGTTGGG TGGAGGCGGG GCAGGGCTGT GTGGCACC GC 1860  
CAGGGAGCGG GCCCACCTGA GTCACTTTAT TGGGTTCAAG CAACACTTTC TTGCTCCCTG 1920  
TTTTCTCTTC TGTGGGATGA TCTCAGATGC AGGGGCTGGT TTTGGGGTTT TCCTGCTTGT 1980  
GCCAAGGGCT GGACACTGCT GGGGGGCTGG AAAGCCCCCTC CCTTCCTGTC CTTCTGTGGC 2040  
CTCCATCCCC TCATGGGTGC TGCCATCCTT CCTGGAGAGA GGGAGGTGAA AGCTGGTGTG 2100  
AGCCAGTGG GTTCCCGCCC ACTCACCCAG GAGCTGGCTG GGCCAGGACC GGGAGAGGGA 2160  
GCACTGCTGC CCTCCTGGCC CTGCTCCTTC CGCAGTTAGG GGTGGACCGA GCCTCGCTTT 2220  
CCCCACTGTT CTGGAGGGAA GGGGAAGGAG GGGGTCTTCA GGCTGGAGCC AGGCTGGGGG 2280  
TGCTGGGTGG AGAGATGAGA TTTAGGGGGT GCCTCATGGG GTGGGCAGGC CTGGGGTGA 2340  
ATGAGAAAAG CCCAGAACGT GCAGGTCTGC GGAGGGGAAG TGTCTGAGT GAAGGAGGGG 2400  
ACCCCATCC TGGGGGATGC TGGGAGTGAG TGAGTGAGTG AGATGGCTGA GTGAGGGTTA 2460  
TGGGGAGCCT GAGGTTTTAT GGGCCTGTGT ATCCCTTCT CCCGGCCCCA GCCTGCCTCC 2520  
CTCCTGCCCG CCTGGCCAC AGGTCTCCCT CTGGTCCCTG TCCCTCTGGT GGTGGGGAT 2580  
GGAGCGGCAG CAAGGGGTGT AATGGGGCTG GGTCTGTCT TCTACAGGCC ACCCCGAGGT 2640  
CCTCAGTGGT TGCTGGGGA GCCGACGGG GCTCCTGAGG GGTACAGGTT GGGTGGGCCC 2700  
TCCCTGAGGG TCTGGGGTCA GGCTTTGGCC TCTGCTGCCT CTCAGTCACC AAGTCACCTC 2760  
CCTCTGAAAA TCCAGTCCCT TCTTTGGATG TCCTTGTGAG TCACTCTGGG CCTGGCTGTC 2820  
GTCCCTCCTC AGCTTCTTGT TCCTGGGACA AGGGTCAAGC CAGGATGGGC CCAGGCCTGG 2880  
GATCCCCCAC CCCAGGACCC CCAGGCCCCC TCCCCTGCTG CTTTGCGGGG GGCAGGGCAG 2940  
AAATGGACTC CTTTTGGGTC CCCGAGGTGG GGTCCCCTCC CAGCCCTGCA TCCTCCGTGC 3000  
CGTAGACCTG CTCCCCAGAG GAGGGGCCCTT GACCCACAGG ACGTGTGGTG GCGCCTGGCA 3060  
CTCAGGGACC CCCAGCTGCC CCAGCCCTGG TCTCTGGCGC ATCTCTTCCC TCTTGTCCCC 3120  
AAGATCTGCG CCTCTAGTGC CTTTTGAGGG GTTCCCATCA TCCCTCCCTG ATATTGTATT 3180  
GAAAAATATTA TGCACACTGT TCATGCTTCT ACTAATCAAT AAACGCTTTA TTTAAAGCCA 3240  
AAAAAAAAG AGGGCGAAAA AAGGG

3265

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 179:

- (A) LÄNGE: 262 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 179

```
SLCVFPSSAA SFLSFLALVV AATMNKKKKP FLGMPAPLGY VPGLGRGATG FTTRSDIGPA 60
RDANDPVDDR HAPPGKRTVG DQMKNQAAD DDDDLNDTN YDEFNGYAGS LFSSGPYEKD 120
DEEADAIYAA LDKRMDERRK ERREQREKEE IEKYRMERPK IQQQFSDLKR KLAEVTEEEW 180
LSIPEVGDAK NKRQRNPRYE KLTPVPDSFF AKHLQTGENH TSVDPRQTQF GGLNTPYPGG 240
LNTYPYPGGMT PGLMTPGTVS WT 262
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 180:

(A) LÄNGE: 467 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 180

```
HTLSRWTKHS IPRWNDARTD DTWHSSEDMR KIGQARNTLM DMRLSQVSDS VSGQTVVDPK 60
GYLTDLNSMI PTHGGDINDI KKARLLLKSV RETNPHHPPA WIASARLEEV TGKLQVARNL 120
IMKGTEMCPK SEDVWLEAAR LQPGDTAKAV VAQAVRHLPQ SVRIYIRAAE LETDIRAKKR 180
VLRKALEHVP NSVRLWKAHV ELEEPEDARI MLGRAVECCP TSVELWLALA RLETYENARK 240
VLNKARENIP TDRHIWITAA KLEEANGNTQ MVEKIIDRAI TSLRANGVEI NREQWIQDAE 300
ECDRAGSVAT CQAVMRAVIG IGIEEEDRKH TWMEDADSCV AHNALECARA IYAYALQVFP 360
SKKSVWLRAA YFEKNHGTRE SLEALLQRAV AHCPKAEVLW LMGAKSKWLA GDVPAARSIL 420
ALAFQANPNS EEIWLAAVKL ESENDEYERA RLLAKARTV PPPPGCS 467
```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 181:

- (A) LÄNGE: 284 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 181

```
VRAGPEAAGQ GADSAPTARV FMKSVKLEWV QDNIRAAQDL CEEALRHYED FPKLWMMKGQ 60
IEEQKEMMEK AREAYNQGLK KCPHSTPLWL LLSRLEEKIG QLTRARAILE KSRLKNPKNP 120
GLWLESVRLE YRAGLKNIAN TLMAKALQEC PNSGILWSEA IFLEARPQRR TKSDVALKKC 180
EHDPHVLLAV AKLFSQRKI TKAREWFHRT VKIDSDLGDA WAFFYKFELQ HGTEEQQEEV 240
RKRCSAEPR HGELWCAVSK DIANWQKKIG DILRLVAGRI KNTF 284
```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 182:

- (A) LÄNGE: 75 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 182

```
QPGIKESILM KETQGPYQGQ FLGQDSHQHI THVLLGREKQ YIPVERSQSI SGRNVVKGGR 60
CYAAAPSVPE VAVIP 75
```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 183:

- (A) LÄNGE: 75 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 183

TFLLSLSYSS SRYFSQEFQR RLLKCLLAA QYQSINYPFW GLALEIIFVG RPNSSQQGSQ 60  
ACLLDLFPLR GRNEL 75

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 184:

- (A) LÄNGE: 117 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 184

QGTRHPQSL S HKPAKKIDVA RVTFDLYKLN PQDFIGCLNV KATFYDTYSL SYDLHCCGAK 60  
RIMKEAFRWA LFSMQATGHV LLGTSCYLQQ LLDATEEGQP PKGKASSLIP TCLKILQ 117

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 185:

- (A) LÄNGE: 143 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 185

```
KSAAQTAMTT PPQTPHPYF INRQDFPCIL LRISSSHSPA PSPMSWLHHC KTDLLQGSQK 60
LLLALYHFYP HLPPETATIH SHCPSALRPS SRADGSMVIL SWVLLKPSQ GADSQRASRV 120
SGLDDSKETG PIFIFKTDIP RGF 143
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 186:

- (A) LÄNGE: 84 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 186

```
TQTRHFQLAT QSGRAGGNTD LDIHKKIKPK IKHSILCPLK GLIKGTQSPP RSPLPCQHHK 60
ASSAHTKGLG RGILLPPHQ P QEW 84
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 187:

- (A) LÄNGE: 114 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 187

```
RHWGFTASIF SLKRFITSTS KEQTNWRNVC FFFLFIFKYS TAKFQISFTY RPCKGTVRTE 60
HLFYLRDKGV EIFSLNFIRK GWVQWLMPVI SAFWEAEAGR SLVARSLRPA WATQ      114
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 188:

(A) LÄNGE: 98 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 188

```
NLINKKKKHT FLQLVCSLLV EVINRFKEKI LAVNPQCLQL FWQNIFKEIQ QANFEVLMKV 60
KEGGISSFGR NEKCLTRDIT THVGSGCFLP KTFREEVN                          98
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 189:

(A) LÄNGE: 437 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 189

```
KYELYTENAT  TEKTEPNSQE  DKNDGGKSRK  GNIELASSEP  QHFTTTVTRC  SPTVAFVEFP  60
SSPQLKNDVS  EEKDQKKPEN  EMSGKVELVL  SQKVVKPKSP  EPEATLTFFP  LDKMPEANQL  120
HLPNLNSQVD  SPSSEKSPVM  TPFKFWAWDP  EEERRRQEKW  QQEQERLLQE  RYQKEQDKLK  180
EEWEKAQKEV  EEEERRYYEE  ERKIIEDTVV  PFTVSSSSAD  QLSTSSSMTE  GSGTMNKIDL  240
GNCQDEKQDR  RWKKSFGQDD  SDLLLKTRES  DRLEEKGSIT  EGALAHSGNP  VSKGVHEDHQ  300
LDTEAGAPHC  GTNPQLAQDP  SQNQQTSNPT  HSSEDVKPKT  LPLDKSINHQ  IESPERRKS   360
ISGKKLCSSC  GLPLGKGAAM  IIETLNLYFH  IQCFRCGICK  GQLGDAVSGT  DVRIRNGLLN  420
CNDCYMRSRS  AGQPTTL                                437
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 190:

(A) LÄNGE: 331 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 190

```
SANHKLEVNG  TDGLAPVEVE  ELLRQASERN  SKSPTEYHEP  VYANPFYRPT  TPQRETVTPG  60
PNFQERIKIK  TNLGIGVNE  SIHNMGNLS  EERGNNFNHI  SPIPPVPHPR  SVIQQAEEXL  120
HTPQKRLMTP  WEESNVMQDK  DAPSPKPRLS  PRETIFGKSE  HQNSSPTCQE  DEEDVRYNIV  180
HSLPPDINDT  EPVTMIFMGY  QQAEDSEEDK  KFLTGYDGII  HAELVVIDDE  EEEDEGEAEK  240
PSYHPIAPHS  QVYQPAKPTP  LPRKRSEASP  HENTNHKSPH  KNSISLKEQE  ESLGSPVHHS  300
PFDAQTTGDG  TEDPSLTALR  MRMAKLGKKV  I                                331
```



## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 191:

- (A) LÄNGE: 216 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 191

```
LSLTSRMEEA ELVKGRQLQAI TDKRKIQEEI SQKRLKIEED KLKHQHLKKK ALREKWLLDG 60
ISSGKEQEEM KKQNQQDQHQ IQVLEQSILR LEKEIQDLEK AELQISTKEE AILKKLKSIE 120
RTTEDIIRSV KVEREERAE SIEDIYANIP DLPKSYIPSR LRKEINEEKE DDEQNRKALY 180
AMEIKVEKDL KTGESTVLSS NTSGHQMTLK GTGVKV 216
```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 192:

- (A) LÄNGE: 290 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 192

```
RGAGTQPGPL LKKPYQPRIK ISKTSVDGDP HFVVDFFPLSR LTVCFNIDGQ PGDILRLVSD 60
HRDSGVTVNG ELIGAPAPPN GHKKQRTYLR TITILINKPE RSYLEITPSR VILDGGDRLV 120
LPCNQSVVVG SWGLEVSUSA NANVTVTIQG SIAFVILHL YKKPAPFQRH HLGFIYANSE 180
GLSSNCHGLL GQFLNQDARL TEDPAGPSQN LTHPLLLQVG EGPEAVLTVK GHQVPVWKQ 240
```

RKIYNGEEQI DCWFARNNA KLIDGEYKDY LASHPFDTGM TLGQMSREL

290

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 193:

- (A) LÄNGE: 87 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 193

GHGSYRTPKR SSTNCLGKFW ELADAKKKRK KVHQKQKRAT IRATELAKGK RHVGGSVSHL 60  
SPGTVKCVIT AQVHGKRQQQ KALCRLE 87

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 194:

- (A) LÄNGE: 82 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 194

QFIQGMCSRK FAWYLFVKHL KVPQIGFKVP GAVGWHDPR KATEHPARLL HRAGEVTFYL 60  
FFRLHPIFHL PFLQRAQGAI IF 82

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 195:

- (A) LÄNGE: 251 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 195

```
DDRSHAFHHH KSVIDAMKGR PGQSPLFRPS QGTGRVPGTR QMLQDSVQAA LEEVAASEAL 60
LGPLSPPGKS RDGNASAGEG CQVFRSPPSE VPSPPGQDTP TSTFLKRRWD SQVTLLPSKK 120
CKSQQLQESV SQFPPSPGGR REGPWSSLGA GGPSSHISAK YFPLPVQPAC PCTSLEAGHR 180
PGRCDVLQES QGVDPANLR LSSGTSCRRG LNPTPVQVRS HEASSQVKMH QTVTWRFYTF 240
LNFQQLGACL L 251
```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 196:

- (A) LÄNGE: 149 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 196

```
FAKGLDRERG NMNLDREGDT IERRTLPTLQ ASDLPFEGTL DGGRGRGLGL SYSHELLAST 60
DSSNSPPHKI TGTNIFNFAY LFLGEFPFSL FCPETTGKAL HFEREEKLFG TTPMIFFFVI 120
LEIYFFIILI ADVLFIYLIC IRSNNRKL 149
```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 197:

- (A) LÄNGE: 143 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 197

```
GQRCPRGTDL PEAPTLPLWV NHFSPGLSLR LHQLVGLQAS PPDSPHCWAT LNLKFHCPAP 60
PTPTPKFPKE MSKTHAHTYI HTCTCAHTSC VTTGQGNASL RIPGPGPGVK GCSGTLPPNL 120
LGGPPSVGAG LGVCLDSQDL PRS 143
```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 198:

- (A) LÄNGE: 142 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 198

```
SHTMHCKETK QLYRSGDASV YNTFMSRIRS RHQDLYTVAA AIGTMIONIK YISIIYINTQL 60
GWGRMLGDLV SPAEGLGGRE GGGKGFLTFV LNDGSEGRRE MGKHSLSLTM CSHTHAQTKH 120
RHRRVSNSLT LIGKQAWDIP LQ 142
```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 199:

- (A) LÄNGE: 189 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 199

```
QCRGFNLKAY RNAAEIVQYG VKNNTTFLEC APKSPQASIK WLLQKDKDRR KEVKLNERII 60
ATSQGLLIRS VQGS DQGLYH CIATENSFKQ TIAKINFKVL DSEMVAVVD KWSPWTWASS 120
VRALPFHPKD IMGAFSHSEM QMINQYCKDT RQQHQGDES QKMRGDYGKL KALINSRKSR 180
NRRNQLPES 189
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 200:

- (A) LÄNGE: 97 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 200

```
FFREAESPFV ARLECSGAIS AHCSTVSAHC SLRPPVFKRF SCLSLSSWD YRCAPPRPAN 60
FCIFSRDGV S LCWPGWSQSR PRDPAHLGLP KCWDYRX 97
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 201:

- (A) LÄNGE: 250 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 201

```
ETRVKTSLEL LRTQLEPTGT VGNTIMTSQP VPNETIIVLP SNVINFSQAE KPEPTNQGQD 60
SLKKHLHAEI KVIGTIQILC GMMVLSLGII LASASFSPNF TQVTSTLLNS AYPFIGPFFF 120
IISGSLSIAT EKRLTKLLVH SSLVGSILSA LSALVGFIIL SVKQATLNPA SLQCELDKNN 180
IPTRSYVSYF YHDSLYTTDC YTAKASLAGT LSLMLICTLL EFCLAVLTAV LRWKQAYSDF 240
PGVSVLAGFT 250
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 202:

- (A) LÄNGE: 104 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 202

```
EKTPGFEWKL TAESHRPRQQ QRQQQTFGIL FSTHVLIIHL IIFLVEKLQI SLFNIYIQFN 60
KPLASYLFSH LRYFFPPHLA PVPPFLFSLC KRKYLTYLGP TSIM 104
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 203:

- (A) LÄNGE: 93 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 203

```
HKKNFWQIFI QIACLQWQIS QHFSLFCLCL SLCIFLERKL NAFNVLIITL LKLDPNMLNI 60
SSCKGRRGRE EQQGGEEN TSGERTSNLQ EAY 93
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 204:

- (A) LÄNGE: 113 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 204

```
RPKPGHPLYS KYMRGDVLVM LKQTENNYLE CQKGEDTGRV HLSQMKIITP LDEHLRSRPN 60
DPSHAQKPVD SGAPHAVVLH DFPAEQVDDL NLTSGEIGLS SGEDRYRLVQ REL 113
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 205:

- (A) LÄNGE: 225 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 205

```
TSLLEKLVYL LEKIDTDWYR GNCRNQIGIF PANYVKVIID IPEGNGKRE CVSSHCVKGS 60
RCVARFEYIG EQKDELSFSE GEIILKEYV NEEWARGEVR GRTGIFPLNF VEPVEDYPTS 120
GANVLSTKVP LKTKKEDSGS NSQVNSLP AE WCEALHSFTA ETSDDL SFKR GDRIQILERL 180
DSDWCRGRLQ DREGIFPAVF VRPCPAEAKS MLAIVPKGQE GQSLI 225
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 206:

(A) LÄNGE: 105 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 206

```
CIGFSSGFDK VKRIVTRVTQ TCQLSESLVV KPELGKLSLR RLKERAQVGI CVITVLLPRH 60
GVDNKIPLQS TGVSVRLVLQ KAAHWEWGGA CGKPDCEGL GENG S 105
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 207:

(A) LÄNGE: 83 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein



(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 207

LCGAAASCMM LGSLAPDPGS RRHSGQAALR PRRYPTLWDR CRKRWLRFIF TQLLAHVLT 60  
TRSSPFVSR FLQHANTYT SAL 83

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 208:

(A) LÄNGE: 581 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 208

YFCMMTEAEQ DKWQAVLQDC IRHCNNGIPE DSKVEGPAFT DAIRMYRQSK ELYGTWEMLC 60  
GNEVQILSNL VMEELGPELK AELGPRLK GK PQERQRQW IQ ISDAVYH MVY EQAKARFEEV 120  
LSKVQQVQPA MQAVIRTDMD QIITSKEHLA SKIRAFILPK AEVCVRNHVQ PYIPSILEAL 180  
MVPTSQGFTE VRDVFFKEVT DMNLNVINEG GIDKLGEYME KLSRLAYHPL KMQSCYEKME 240  
SLRLDGLQQR FVSSSTSVFK QRAQIHMREQ MDNAVYTFET LLHQELGKGP TKEELCKSIQ 300  
RVLERVLK KY DYDSSSVRKR FFREALQIS IPFLK K LAP TCKSELPRFQ ELIFEDFARF 360  
ILVENTYBEV VLQTVMKDIL QAVKEAAVQR KHNLYRDSMV MHNSDPNLHL LAEGAPIDWG 420  
EEYSNSGGGG SPAPAPRSQP PSRKSDGAPS RWSLWSRMRR WGCPLRLALS HHHLRPRTVS 480  
LRSEACWPKV CGLRAPHQPA PCSTGPPLGR VPSLRPPRP PRRLPHPSI SCLERLWTLG 540  
PPSPATRRLE SRCPAPAATP PSTPPPRTVQ GCRLSSRPVG P 581

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 209:

- (A) LÄNGE: 466 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 209

PQRAAPPPHP	GPQRPPAWRA	VAFPRGWLTP	GCWGWAAAPA	AVAVLLAPVD	GGALGQQVQV	60
GVAVVHDHAV	PVEVVLPLHR	GLLHSLQDVL	HDGLQHLLV	RVFHQDEPGK	VLEDQLLEPG	120
QLRLAGRGQL	LEQERDADLQ	QRLPEEPLPH	RAAVVVVFLQ	HPLQDPLDGL	AQLLLGGPLP	180
QLLVQEGLER	IHGIVHLLPH	VDLGSLLHGH	RAGHIKSLQ	PVQSQRLLHL	IAALHLQGVV	240
RQPGQLLHVL	AQLVNAALVD	DVQVHVRDLL	EEDISHLSEA	LAGGDHQGLQ	DGWDVGLDMV	300
PHAHLCLGED	EGSDLAGKVL	LGGDNLVHVS	SDDGLHGRH	LLHLGQHLL	ARLGLLVHHV	360
VHGVRDLPL	PLPLRFPLQ	PRAELCLQLR	AQLLHHQVAQ	DLHLVPTQHL	PGAVQLLGLS	420
VHADGICERR	ALYLGVLRDS	IVAVPDAVLQ	HSLPLVLLGF	CHHAEV		466

**Patentansprüche**

1. Eine Nukleinsäure-Sequenz, die ein Genprodukt oder ein Teil davon kodiert, umfassend
  - a) eine Nukleinsäure-Sequenz, ausgewählt aus der Gruppe Seq. ID Nos. 1-5, 10-12, 14, 15, 19, 21-25, 28, 30, 31, 34, 37, 43, 45, 48, 50, 51, 58-65, 68, 69, 71, 72, 74, 76 und 161-178.
  - b) eine allelische Variation der unter a) genannten Nukleinsäure-Sequenzenoder
  - c) eine Nukleinsäure-Sequenz, die komplementär zu den unter a) oder b) genannten Nukleinsäure-Sequenzen ist.
2. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß einer der Sequenzen Seq. ID Nos. 1-5, 10-12, 14, 15, 19, 21-25, 28, 30, 31, 34, 37, 43, 45, 48, 50, 51, 58-65, 68, 69, 71, 72, 74, 76 und 161-178, oder eine komplementäre oder allelische Variante davon.
3. Nukleinsäure-Sequenz Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 76 und Seq. ID No. 161 bis Seq. ID No. 178, dadurch gekennzeichnet, daß sie in Brustnormalgewebe erhöht exprimiert sind.
4. BAC, PAC und Cosmid-Klone, enthaltend funktionelle Gene und ihre chromosomale Lokalisation, entsprechend den Sequenzen Seq. ID. No. 1 bis Seq. ID No. 76 und Seq. ID No. 161 bis Seq. ID No. 178, zur Verwendung als

Vehikel zum Gentransfer.

5. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 4, dadurch gekennzeichnet, daß sie eine 90% ige Homologie zu einer humanen Nukleinsäure-Sequenz aufweist.
6. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 4, dadurch gekennzeichnet, daß sie eine 95% ige Homologie zu einer humanen Nukleinsäure-Sequenz aufweist.
7. Eine Nukleinsäure-Sequenz, umfassend einen Teil der in den Ansprüchen 1 bis 6 genannten Nukleinsäure-Sequenzen, in solch einer ausreichenden Größe, daß sie mit den Sequenzen gemäß den Ansprüchen 1 bis 6 hybridisieren.
8. Ein Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 7, dadurch gekennzeichnet, daß die Größe des Fragments eine Länge von mindestens 50 bis 4500 bp aufweist.
9. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 7, dadurch gekennzeichnet, daß die Größe des Fragments eine Länge von mindestens 150 bis 4000 bp aufweist.
10. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß einem der Ansprüche 1 bis 9, die mindestens eine Teilsequenz eines biologisch aktiven Polypeptids kodiert.
11. Eine Expressionskassette, umfassend ein Nukleinsäure-Fragment oder eine Sequenz gemäß einem der Ansprüche 1 bis 9, zusammen mit mindestens einer Kontroll- oder regulatorischen Sequenz.
12. Eine Expressionskassette, umfassend ein Nukleinsäure-Fragment oder eine Sequenz gemäß Anspruch 11, worin die Kontroll- oder regulatorische Sequenz ein geeigneter Promotor ist.
13. Eine Expressionskassette gemäß einem der Ansprüche 11 und 12, dadurch gekennzeichnet, daß die auf der Kassette befindlichen DNA-Sequenzen ein Fusionsprotein kodieren, das ein bekanntes Protein und ein biologisch aktives Polypeptid-Fragment umfaßt.
14. Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen gemäß den Ansprüchen 1 bis 10 zur Herstellung von Vollängen-Genen.

15. Ein DNA-Fragment, umfassend ein Gen, das aus der Verwendung gemäß Anspruch 14 erhältlich ist.
16. Wirtszelle, enthaltend als heterologen Teil ihrer exprimierbaren genetischen Information ein Nukleinsäure-Fragment gemäß einem der Ansprüche 1 bis 10.
17. Wirtszelle gemäß Anspruch 16, dadurch gekennzeichnet, daß es ein prokaryontisches oder eukaryontische Zellsystem ist.
18. Wirtszelle gemäß einem der Ansprüche 16 oder 17, dadurch gekennzeichnet, daß das prokaryontische Zellsystem E. coli und das eukaryontische Zellsystem ein tierisches, humanes oder Hefe-Zellsystem ist.
19. Ein Verfahren zur Herstellung eines Polypeptids oder eines Fragments, dadurch gekennzeichnet, daß die Wirtszellen gemäß den Ansprüchen 16 bis 18 kultiviert werden.
20. Ein Antikörper, der gegen ein Polypeptid oder ein Fragment gerichtet ist, welches von den Nukleinsäuren der Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 76 und Seq. ID No. 161 bis Seq. ID No. 178 kodiert wird, das gemäß Anspruch 19 erhältlich ist.
21. Ein Antikörper gemäß Anspruch 20, dadurch gekennzeichnet, daß er monoklonal ist.
22. Polypeptid-Teilsequenzen, gemäß den Sequenzen Seq. ID Nos 77-85, 87, 88, 90, 91, 93, 95-108, 112-117, 119, 122, 124-126, 132, 133, 135, 137-160 und 179-209.
23. Polypeptid-Teilsequenzen gemäß Anspruch 22, mit mindestens 80%iger Homologie zu diesen Sequenzen.
24. Polypeptid-Teilsequenzen gemäß Anspruch 22, mit mindestens 90%iger Homologie zu diesen Sequenzen.
25. Verwendung der Polypeptid-Teilsequenzen gemäß den Sequenzen Seq. ID No. 77 bis Seq. ID No. 160 und Seq. ID No. 179 bis Seq. ID No. 209, als Tools zum Auffinden von Wirkstoffen gegen Brustkrebs.

26. Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen gemäß den Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 76 und Seq. ID No. 161 bis Seq. ID No. 178 zur Expression von Polypeptiden, die als Tools zum Auffinden von Wirkstoffen gegen Brustkrebs verwendet werden können.
27. Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 76 und Seq. ID No. 161 bis Seq. ID No. 178 in sense oder antisense Form.
28. Verwendung der Polypeptid-Teilsequenzen Seq. ID No. 77 bis Seq. ID No. 160 und Seq. ID No. 179 bis Seq. ID No. 209 als Arzneimittel in der Genterapie zur Behandlung des Brustkrebses.
29. Verwendung der Polypeptid-Teilsequenzen Seq. ID No. 77 bis Seq. ID No. 160 und Seq. ID No. 179 bis Seq. ID No. 209, zur Herstellung eines Arzneimittels zur Behandlung des Brustkrebses.
30. Arzneimittel, enthaltend mindestens eine Polypeptid-Teilsequenz Seq. ID No. 77 bis Seq. ID No. 160 und Seq. ID No. 179 bis Seq. ID No. 209.
31. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 10, dadurch gekennzeichnet, daß es eine genomische Sequenz ist.
32. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 10, dadurch gekennzeichnet, daß es eine mRNA-Sequenz ist.
33. Genomische Gene, ihre Promotoren, Enhancer, Silencer, Exonstruktur, Intronstruktur und deren Spleißvarianten, erhältlich aus den cDNAs der Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 76 und Seq. ID No. 161 bis Seq. ID No. 178.
34. Verwendung der genomischen Gene gemäß Anspruch 33, zusammen mit geeigneten regulativen Elementen.
35. Verwendung gemäß Anspruch 34, dadurch gekennzeichnet, daß das regulative Element ein geeigneter Promotor und/ oder Enhancer ist.
36. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 7, dadurch gekennzeichnet, daß die Größe des Fragments eine Länge von mindestens 300 bis 3500 bp aufweist.

37. Die Nukleinsäuresequenzen Seq. ID No.: 3, 37, 45 dadurch gekennzeichnet, daß sie mit dem Fettstoffwechsel assoziiert sind und zur Behandlung von krankhaften Veränderungen des Fettstoffwechsels verwendet werden können.

## Systematische Gen-Suche in der Incyte LifeSeq Datenbank

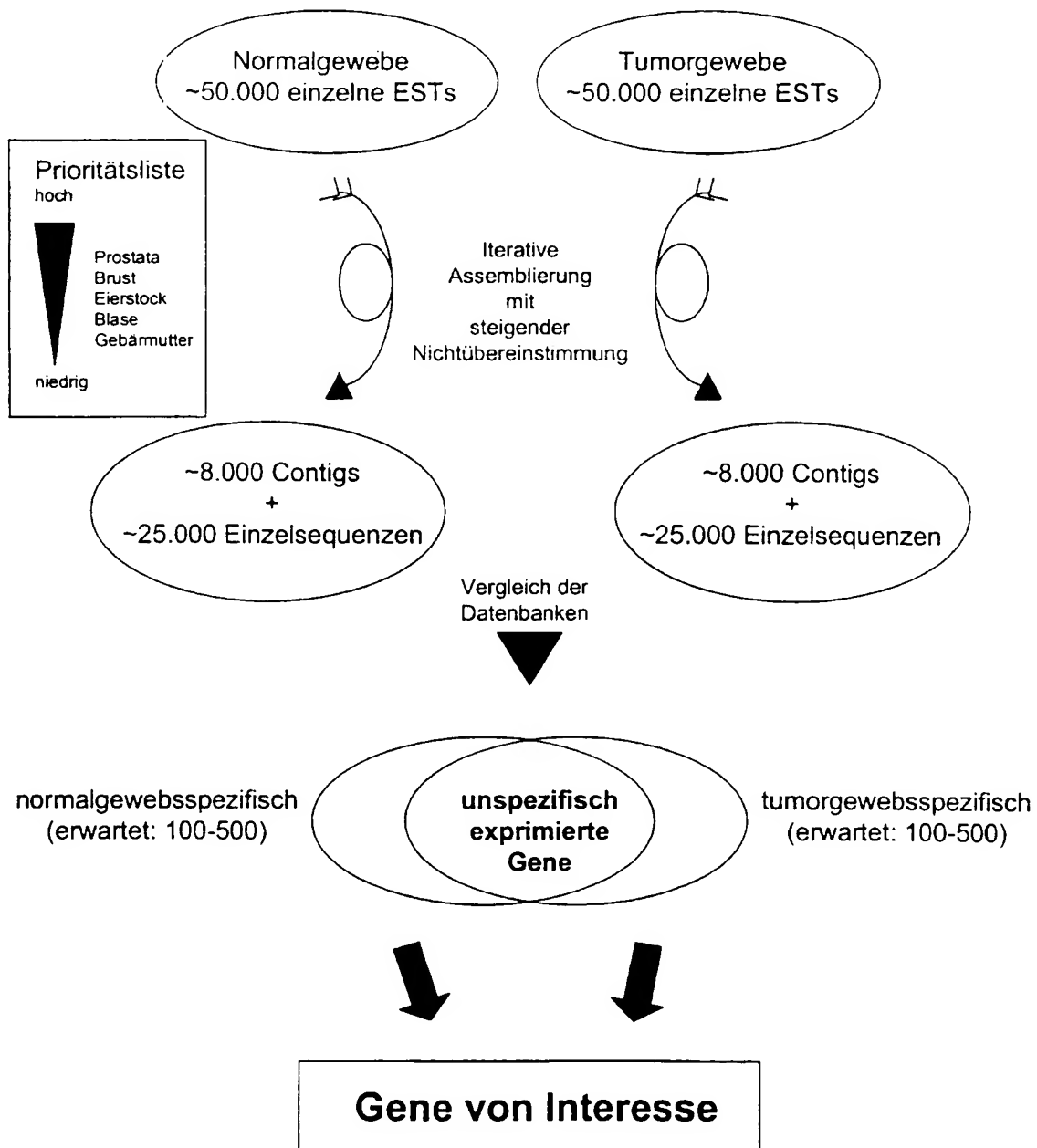


Fig. 1



2/10

## Prinzip der EST-Assemblierung

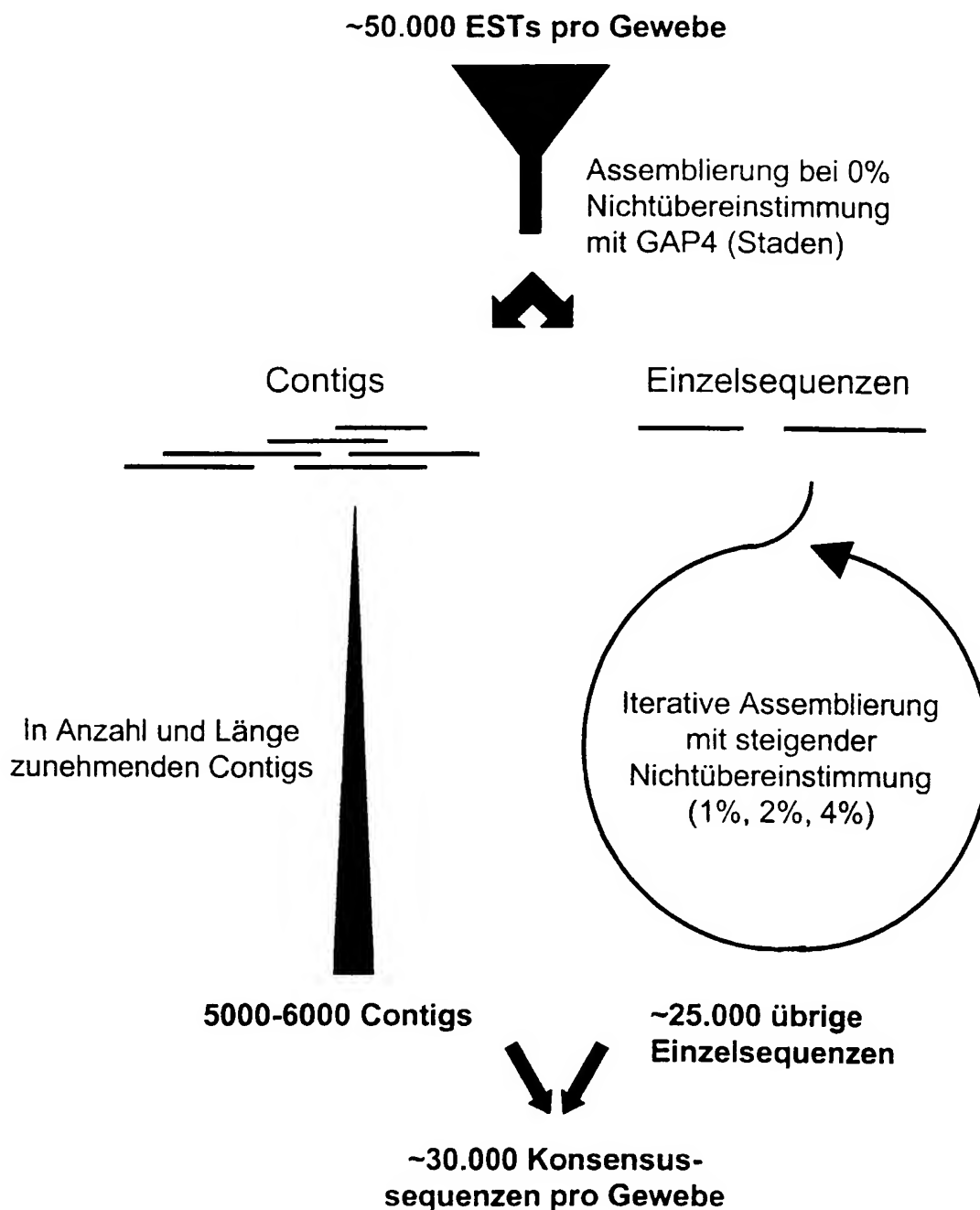


Fig. 2a

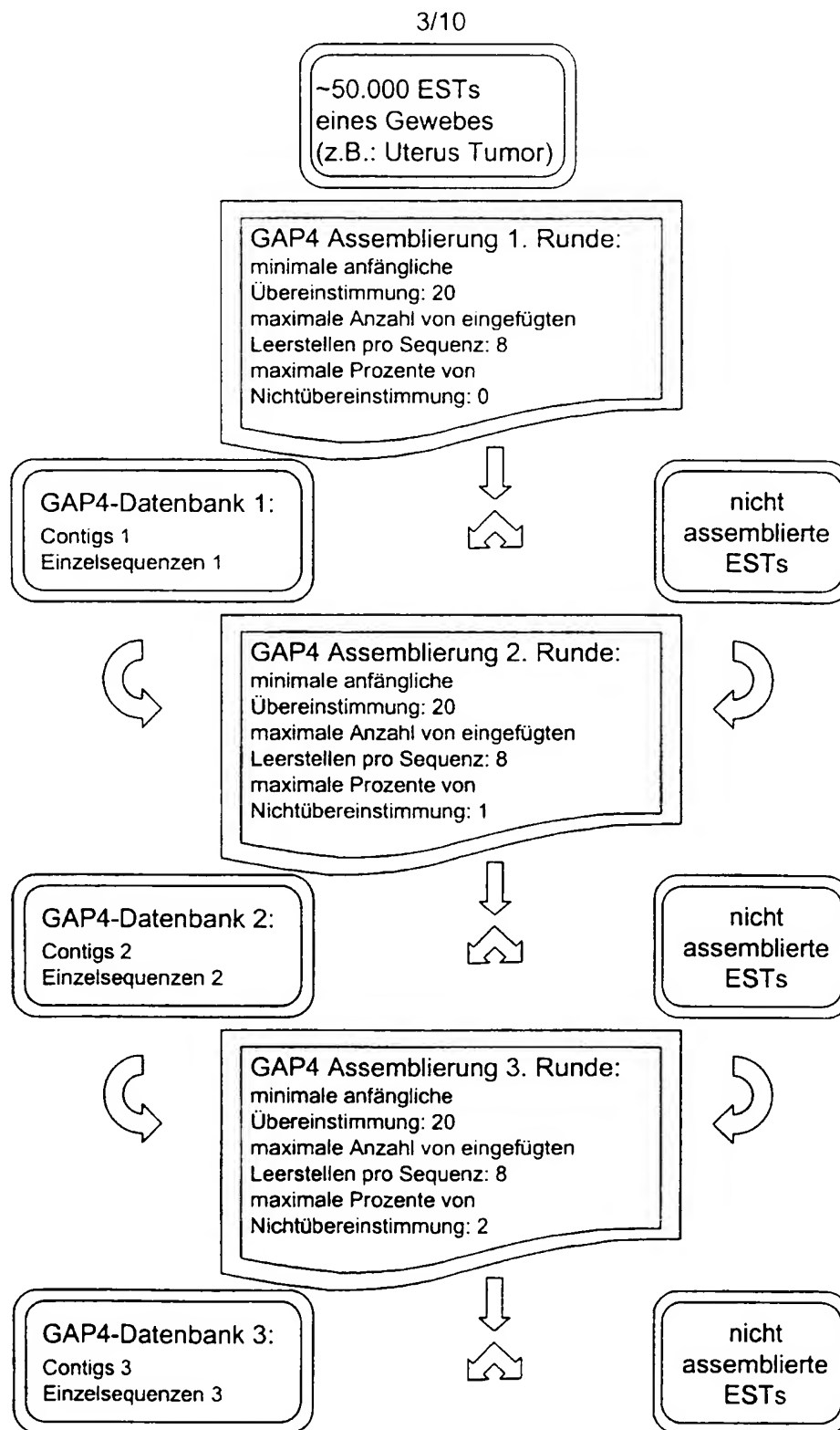


Fig. 2b1

4/10

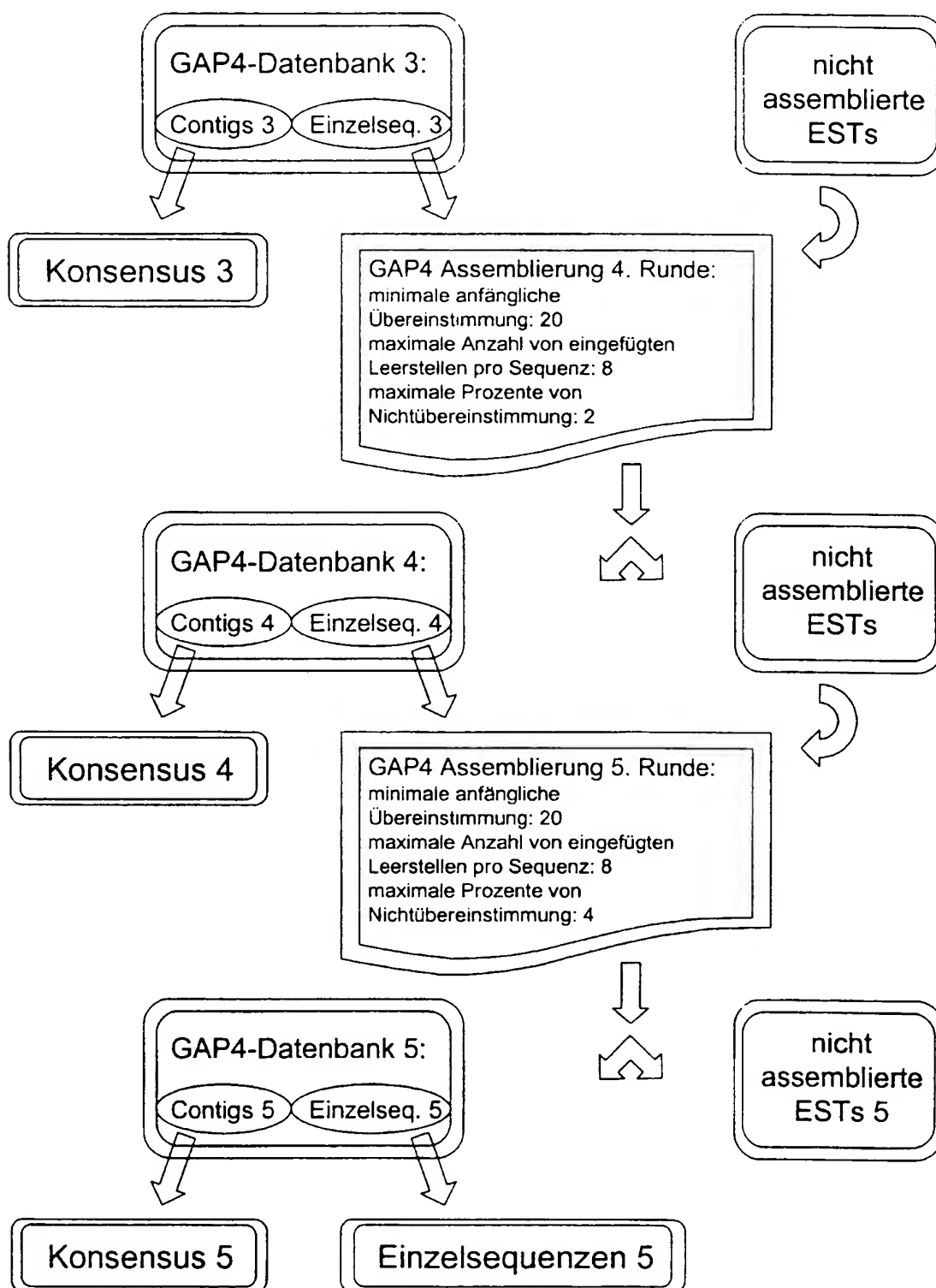


Fig. 2b2

5/10

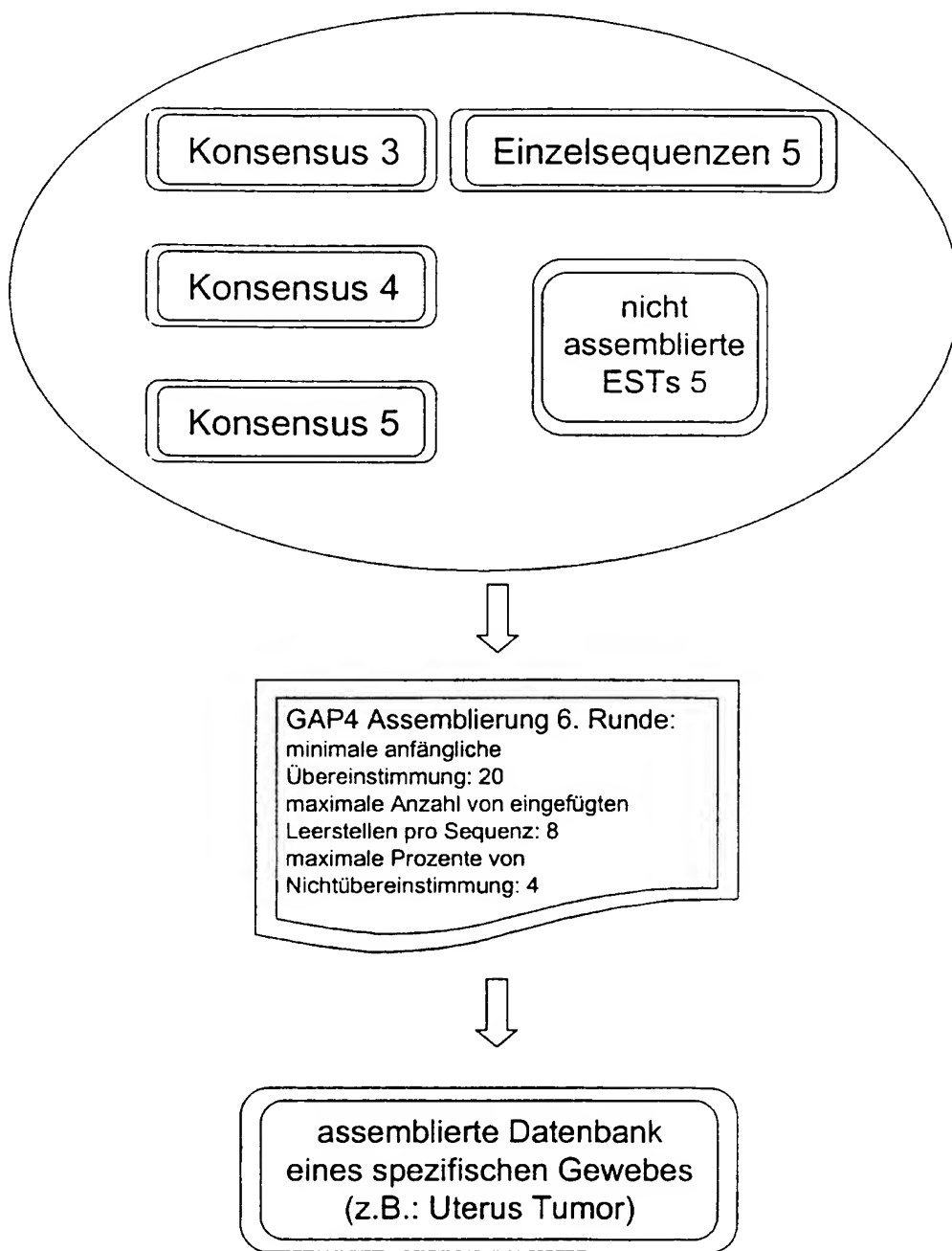


Fig. 2b3

6/10

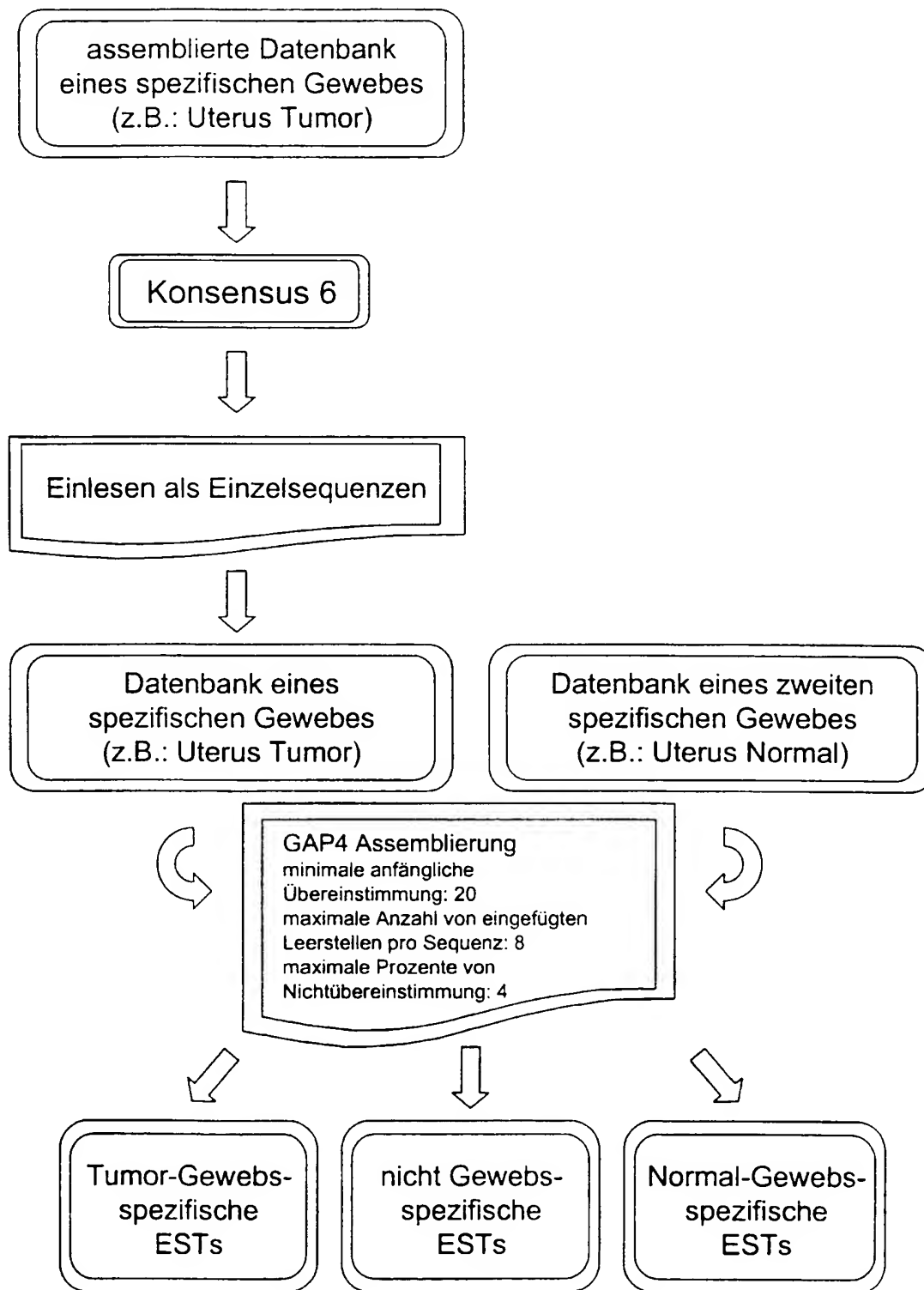


Fig. 2b4

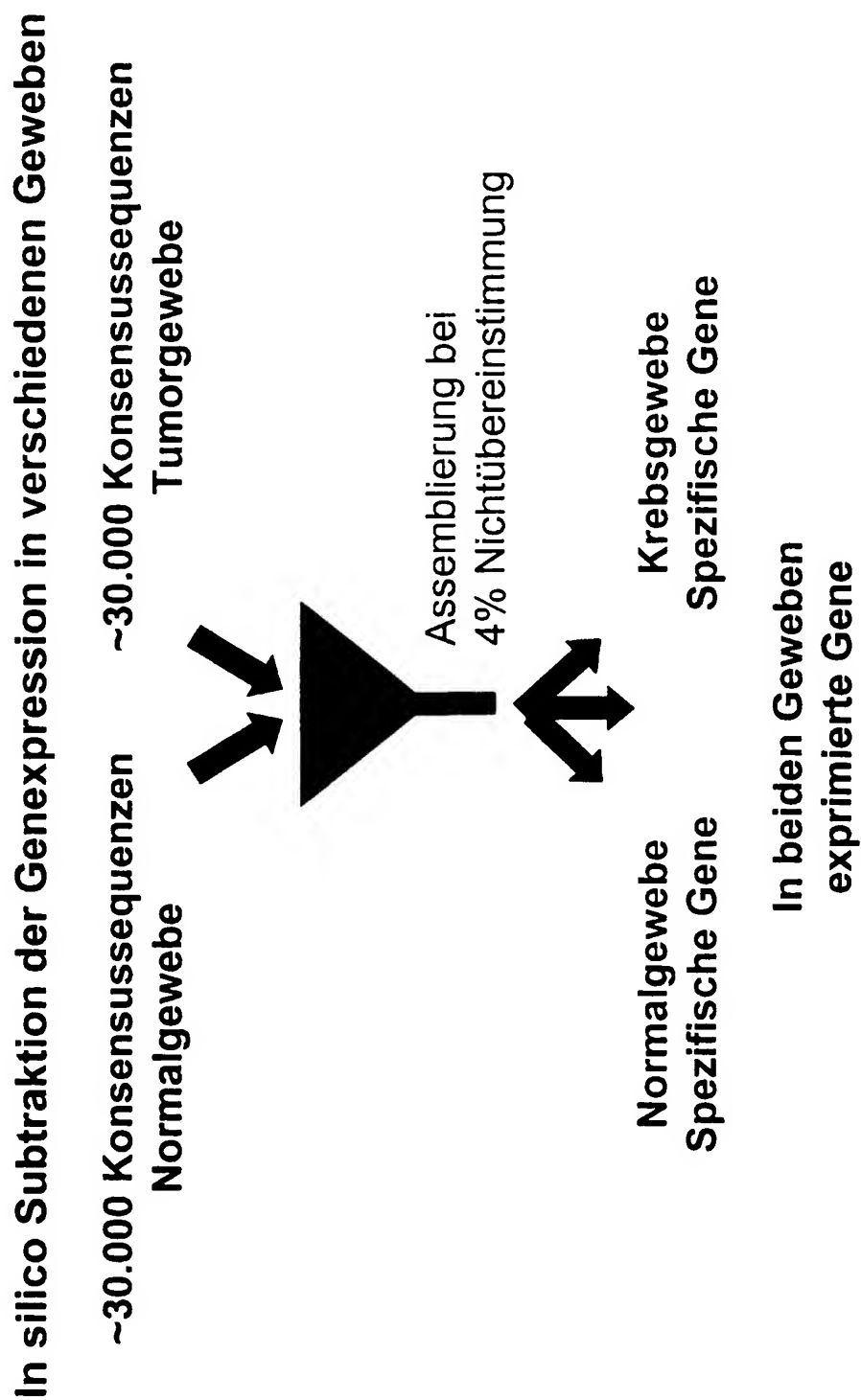


Fig. 3

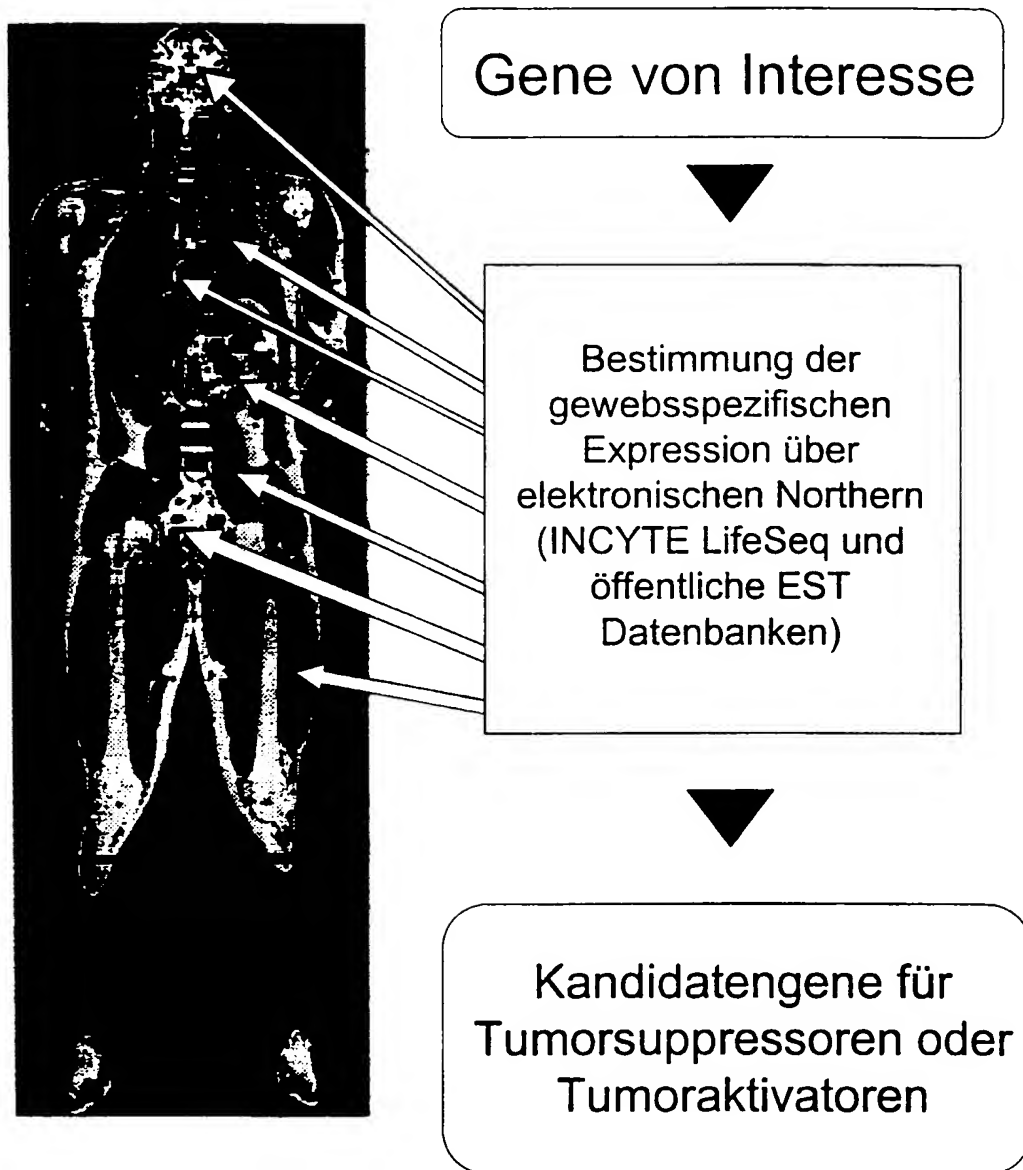


Fig. 4a

9/10

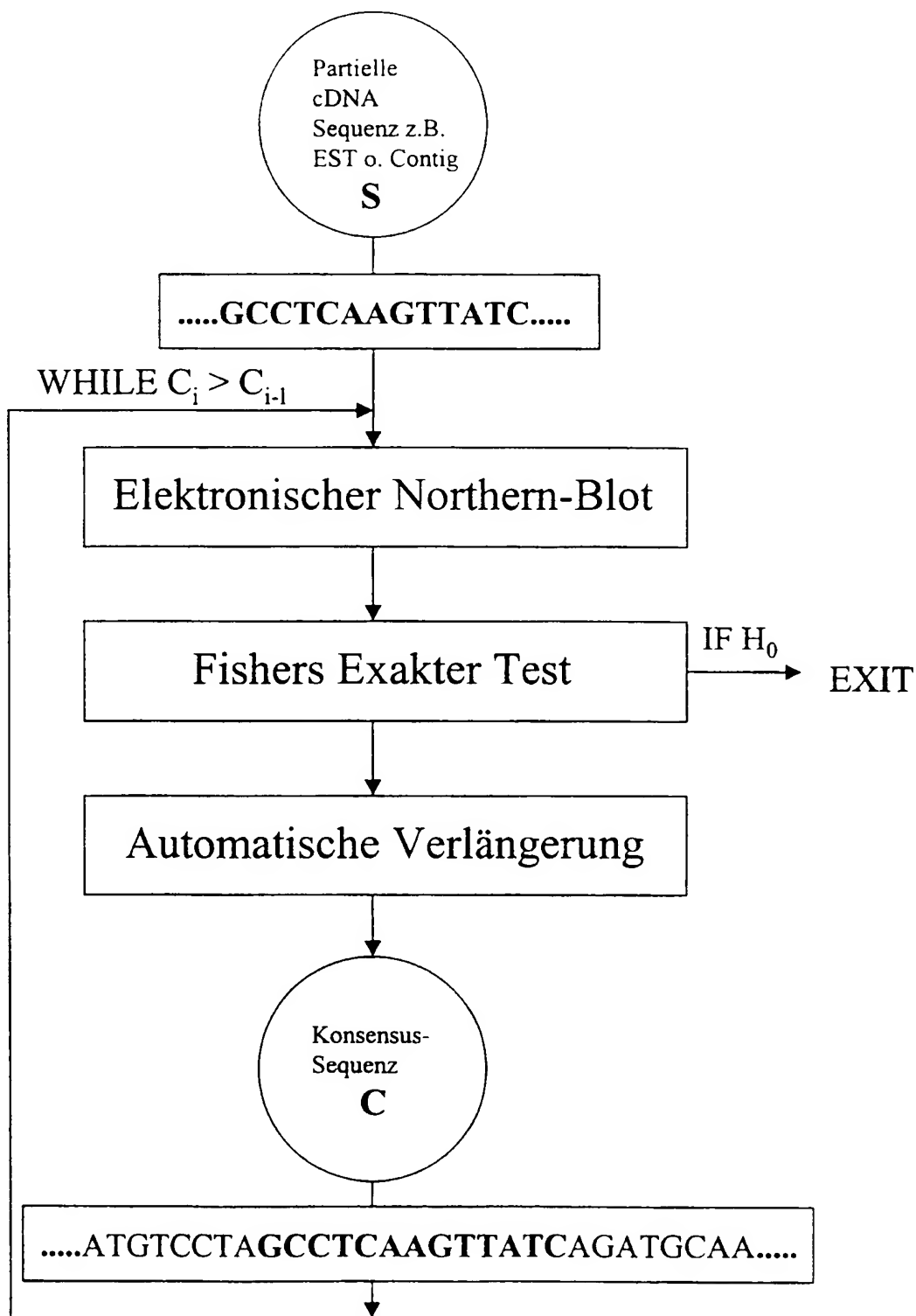


Fig. 4b



10/10

Isolieren von genomischen BAC und PAC Klonen



Chromosomale Klon-Lokalisation über FISH



Hybridisierungssignal



Sequenzierung von Klonen, die in Regionen lokalisiert sind, die chromosomale Deletionen in Prostata- und Brustkrebs aufweisen, führt zur Identifizierung von Kandidatengenen



Bestätigung der Kandidatengene durch Screening von Mutationen und/oder Deletionen in Krebsgeweben

Fig. 5